

DOI: 10.1159/000507669

Received: 11/25/2019

Accepted: 4/2/2020

Published(online): 4/3/2020

-----  
3D Primary Cell Culture: A Novel Preclinical Model For Pancreatic Neuroendocrine Tumors (PanNETs)

April-Monn S.L. Wiedmer T. Skowronska M. Maire R. Schiavo Lena M. Trippel M. Di Domenico A . Muffatti F. Andreasi V. Capurso G. Doglioni C. Kim-Fuchs C. Gloor B. Zatelli M.C. Partelli S. Falconi M. Perren A. Marinoni I.

-----  
ISSN: 0028-3835 (Print), eISSN: 1423-0194 (Online)

<https://www.karger.com/NEN>

Neuroendocrinology  
-----

Disclaimer:

Accepted, unedited article not yet assigned to an issue. The statements, opinions and data contained in this publication are solely those of the individual authors and contributors and not of the publisher and the editor(s). The publisher and the editor(s) disclaim responsibility for any injury to persons or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content.

Copyright:

All rights reserved. No part of this publication may be translated into other languages, reproduced or utilized in any form or by any means, electronic or mechanical, including photocopying, recording, microcopying, or by any information storage and retrieval system, without permission in writing from the publisher.

© 2020 S. Karger AG, Basel  
-----

Accepted manuscript

## Neuroendocrinology

<b>Manuscript:</b>	NEN-2019-11-26/R1 RESUBMISSION
<b>Title:</b>	3D Primary Cell Culture: A Novel Preclinical Model For Pancreatic Neuroendocrine Tumors (PanNETs)
<b>Authors(s):</b>	Simon Leonhard April-Monn (Corresponding Author), Tabea Wiedmer (Co-author), Skowronska Magdalena (Co-author), Renaud Sylvain Maire (Co-author), Marco Schiavo Lena (Co-author), Mafalda Trippel (Co-author), Annunziata Di Domenico (Co-author), Francesca Muffatti (Co-author), Valentina Andreasi (Co-author), Gabriele Capurso (Co-author), Claudio Doglioni (Co-author), Corina Kim-Fuchs (Co-author), Beat Gloor (Co-author), Maria Chiara Zatelli (Co-author), Stefano Partelli (Co-author), Massimo Falconi (Co-author), Aurel Perren (Co-author), Ilaria Marinoni (Co-author)
<b>Keywords:</b>	3D cell culture, drug screening, NET, organoid, pancreatic neuroendocrine tumor, PanNET, preclinical model, primary cell culture, spheroids, tumoroids
<b>Type:</b>	Research Article

Accepted manuscript

## Research Article

### 3D Primary Cell Culture: A Novel Preclinical Model For Pancreatic Neuroendocrine Tumors (PanNETs)

Simon Leonhard April-Monn<sup>1,2\*</sup>, Tabea Wiedmer<sup>1,2\*</sup>, Magdalena Skowronska<sup>1</sup>, Renaud Maire<sup>1</sup>, Marco Schiavo Lena<sup>3</sup>, Mafalda Trippel<sup>1</sup>, Annunziata Di Domenico<sup>1,2</sup>, Francesca Muffatti<sup>4</sup>, Valentina Andreasi<sup>4</sup>, Gabriele Capurso<sup>4</sup>, Claudio Doglioni<sup>3,5</sup>, Corina Kim-Fuchs<sup>7</sup>, Beat Gloor<sup>7</sup>, Maria Chiara Zatelli<sup>6</sup>, Stefano Partelli<sup>4,5</sup>, Massimo Falconi<sup>4,5</sup>, Aurel Perren<sup>1‡</sup> and Ilaria Marinoni<sup>1‡\*</sup>

<sup>1</sup> Institute of Pathology, University of Bern, Bern, Switzerland.

<sup>2</sup> Graduate School for Cellular and Biomedical Sciences University of Bern, Bern, Switzerland.

<sup>3</sup> Unit of Pathology, San Raffaele Scientific Institute, Milan, Italy.

<sup>4</sup> Pancreatic Surgery Unit, Pancreas Translational & Clinical Research Center, San Raffaele Scientific Institute, Milan, Italy.

<sup>5</sup> Università “Vita e Salute”, Milan, Italy

<sup>6</sup> Inselspital, University of Bern, Switzerland

<sup>7</sup> Section of Endocrinology and Internal Medicine, Department of Medical Sciences, University of Ferrara, Ferrara, Italy

•Contributed equally, shared first authorship

‡Shared last authorship

**Short Title:** 3D Primary Cell Culture: A Novel Preclinical PanNET model

**\*Corresponding Author:**

Ilaria Marinoni

University of Bern

Institute of Pathology

Murtenstrasse 31

Bern, 3008, Switzerland

+41 31 63 24991

Ilaria.marinoni@pathology.unibe.ch

**Keywords:** Pancreatic neuroendocrine tumor, PanNET, NET, 3D culture, preclinical model, primary cells, drug screening, islet-like tumoroids, spheroids, organoids

Accepted manuscript



## Abstract

Molecular mechanisms underlying the development and progression of PanNET are still insufficiently understood. Efficacy of currently approved PanNET therapies is limited. While novel treatment options are being developed, patient stratification permitting more personalized treatment selection in PanNET is yet not feasible since no predictive markers are established. The lack of representative *in vitro* and *in vivo* models as well as the rarity and heterogeneity of PanNET are prevailing reasons for this.

In this study, we describe an *in vitro* 3D human primary PanNET culture system as a novel preclinical model for more personalized therapy selection. We present a screening platform allowing multi-center sample collection and drug screening in 3D cultures of human primary PanNET cells. We demonstrate that primary cells isolated from PanNET patients and cultured *in vitro* form islet-like tumoroids. Islet-like tumoroids retain the neuroendocrine phenotype and are viable for at least two weeks in culture with high success rate (86%). Viability can be monitored continuously allowing for a per-well normalization. In a proof-of-concept study, islet-like tumoroids were screened with three clinically approved therapies for PanNET: Sunitinib, everolimus and temozolomide. Islet-like tumoroids display varying *in vitro* response profiles to *distinct therapeutic regimes*. Treatment response of islet-like tumoroids (IC50) differs also *between patient* samples. We believe that the presented human PanNET screening platform is suitable for personalized drug testing in a larger patient cohort and a broader application will help in identifying novel markers predicting treatment response and in refining PanNET therapy.

## Introduction

In contrast to many other malignancies, there are no molecular characteristics and biomarkers supporting treatment decisions in pancreatic neuroendocrine tumors (PanNET). While molecular mechanisms underlying PanNET development and disease progression are continuously further deciphered [1,2] and numbers of clinically approved therapies are steadily rising, the treatment options for PanNET are still primarily chosen based on clinician judgement.

The lack of appropriate models and the rarity of PanNET disease are two major factors that hinder further advances in PanNET translational research. Testing more effective therapies as well as performing predictive studies are leaping behind. Currently, only a limited number of human PanNET cell lines are available – with BON1, QGP1 and CM being the most commonly studied [3–6]. It is pertinent to note that while these cell lines were used to experimentally dissect molecular mechanism of NETs, they do not represent well-differentiated, slowly proliferating PanNETs. These afore mentioned cell lines are highly proliferative and were found to differ fundamentally in their mutational genetic background compared to PanNETs. In fact, studies have shown that these cell lines resemble poorly differentiated pancreatic neuroendocrine carcinomas (PanNEC) rather than PanNETs [7–11]. Moreover, other authors have even questioned the tissue of origin of aforementioned cell lines, raising significant debate as to the translational relevance of work performed using these cell lines [11,12]. Recently, Bente *et al.* described NT-3 as a novel cell line that better reflects well-differentiated slow proliferative PanNETs, which present the bulk of PanNETs [13]. Nevertheless, the full molecular profile of NT-3 cells remains to be determined so that its similarity to the primary well-differentiated slow proliferative subtype can be established. Moreover, neither available cell lines nor genetically engineered mouse models recapitulate the spectrum of different molecular subtypes of human primary PanNETs [2,14]. A stronger focus on developing more personalized *in vitro* models for studying these tumors is therefore demanded urgently. Cultivation and expansion of patient derived neuroendocrine cells has been challenging owing to their intrinsically poor capacity for *in vitro* proliferation. However, due to advances in cell culture techniques, cell models of well-differentiated slow proliferative PanNET derived from primary tissue have recently been used to study drug response and dissecting its underlying molecular mechanisms. For example, studies on isolated human primary PanNET cells cultured *in vitro* indicated that such a model might be utilized to determine patient response to treatment [15–18]. However, the major limitations of all these studies are the short cultivation window of the cells, the non-physiological 2D setting with limited cell-cell interactions, as well as their small scale in terms of investigated treatments and patient numbers.

In recent years, there has been tremendous advances in the development of 3D tissue culture techniques, including scaffold-free setups in ultra-low attachment plates or scaffold-based encapsulation cultures to allow cell growth in three dimension [19–23]. Culture of cells in 3D mimics a more physiological architecture of a tumor tissue, including cell-cell contact and allowing the development of spatial

differences in the culture system with respect to proliferation, cell death and hypoxia within spheroids [21,24–26]. Additionally, cells in 3D can be cultured and treated longer than in 2D monolayer [21]. Cells cultured in 3D frequently display increased therapy resistance compared to cells cultured in 2D [27–29], where 3D culture most likely better reflects the *in vivo* situation [30,31]. For this reason, lately high-throughput screening of pharmacological compounds preferentially being performed in 3D-cultured cells [32–34].

With the presented study, we aimed for developing a platform to collect PanNET samples from multiple surgical centers, to isolate primary cells and to cultivate these cells in 3D retaining neuroendocrine tumor characteristics, and finally to measure short- and long-term *in vitro* treatment response.

Accepted manuscript

**STAR\* METHODS****KEY RESOURCE TABLE**

REAGENT or RESOURCE	SOURCE	IDENTIFIER
<b>ANTIBODIES</b>		
Anti-human-Ki-67 (1:200)	Dako	M7240
Anti-human-Synaptophysin (1:4000)	Nococastra	27G12
Anti-human-Insulin (1:100)	Sigma	I-2018
<b>BIOLOGICAL SAMPLES</b>		
Human pancreatic neuroendocrine tumor (PanNET) specimen	This study	NA
Primary human PanNET cell culture	This study	NA
<b>DEVICES and CONSUMABLES</b>		
Gentle MACS™ dissociator	Miltenyi Biotec	NA
Cell+coated and TC tested 24-well plates	Sarstedt	83.3922.300
24/96 well Corning® Costar® ultra-low attachment plates	Corning	CLS4515
PAXgene Tissue FIX Cotnainer	Qiagen	765312
PAXgene Tissue STABILIZER	Qiagen	765512
Infinite® 200 PRO plate reader	Tecan	NA
Automated immunostainer Bond RX	Leica Biosystems	NA
Automated Slide Scanner panoramic 250	3DHistech	NA
<b>CHEMICALS and PEPTIDES</b>		
Recovery Freezing Medium	Gibco	12648-010
Advanced DMEM-F12	Gibco	D6421
Collagenase IV	Worthington	LS004188 CLS-4
Trypsin-EDTA (0.25%)	Sigma Aldrich	T4049
DNase	Roche	10104159001
ACK lysis buffer	Thermo Fisher	A1049201
Epidermal growth factor (EGF)	Thermo Fisher	PHG0311
Basal fibroblast growth factor (bFGF)	Thermo Fisher	PHG0026
Placenta Growth Factor (PIGF)	Selleckchem	264-PGB-010
Insulin-like growth factor 1 (IGF-1)	Selleckchem	100-11
Accutase	Gibco	A11105-01
Growth-factor-reduced Matrigel (MTGL)	Corning	354230

Real-Time Glo™ MT Cell Viability Assay	Promega	G9712
Human plasma	Interregional Blood Transfusion SRC Epalinges	92040
Thrombin	Diagnostec	100-125
Sunitinib (S1042)	Selleckchem	S1042
Everolimus (S1120)	Selleckchem	S1120
Temozolomide (S1237)	Selleckchem	S1237

## LEAD CONTACT AND MATERIALS AVAILABILITY

Further information and request for resources and reagents should be directed to and will be fulfilled by the Lead Contact Dr. I. Marinoni ([Ilaria.marinoni@pathology.unibe.ch](mailto:Ilaria.marinoni@pathology.unibe.ch)). This study did not generate new unique reagents.

## EXPERIMENTAL MODEL AND SUBJECT DETAILS

### Primary cell culture

Isolated primary PanNET cells were maintained in AdvDMEM+GF medium (DMEM-F12, 5% FBS, Hepes 1M, 1% L-Glutamine, 1% penicillin-streptomycin-amphotericin B, 20ng/ml EGF, 10ng/ml bFGF (Thermo Fisher, CH), 100ng/ml PIGF, 769ng/ml IGF1 (Selleckchem, USA) and 24-well Corning® Costar® ultra-low attachment (ULA) plates (Corning, USA) (500µl/well, 3-5x10<sup>5</sup> cells/well) in an cell incubator (21% O<sub>2</sub>, 5% CO<sub>2</sub>, 37°C). For drug screen cells were resuspended in fresh AdvDMEM+GF medium supplemented with 123µg/ml growth-factor-reduced Matrigel® (Corning, USA) and plated in 96-well ULA plates (50µl/well, 3-4x10<sup>3</sup> cells/well).

To setup the PanNET screening platform including drug screening, we made use of primary material from a total of 16 PanNET patients depicted in Supplementary Table 1.

### Patient studies

All patients agreed on the use of residual material and have signed an institutional informed consent. Patient characteristics are shown in Supplementary Table 1. The study was approved by the cantonal authorities (Kantonale Ethikkommission Bern, Ref.-Nr. KEK-BE 105/2015) and Italian ethic commission (Comitato Etico, CE 252/2019).

## METHODS DETAILS

### Patient samples and cryopreservation

Fresh human PanNET tissue was obtained from patients diagnosed with PanNET undergoing surgery at the Inselspital Bern, Switzerland, or at the Pancreatic Surgery Unit, Pancreas Translational & Clinical Research Center, San Raffaele Scientific Institute, Milan, Italy. Tumor tissues of 16 PanNET patients

were used for 19 isolations, 12 isolations for method establishment, and 7 is isolations for the proof-of-concept drug screening. Patient characteristics are summarized in Supplementary Table 1.

Upon surgical resection a pathologist processed one mirror block of the tumor tissue to 8mm<sup>3</sup> blocks under sterile conditions avoiding necrotic regions. These blocks were suspended in Recovery Cell Culture Freezing Medium (Thermo Fisher, CH), cryopreserved using an isopropyl alcohol freezing container (Nalgene, USA) and stored in liquid nitrogen. The other mirror block was embedded in a micro cassette and fixation was performed with PAXgene Tissue System according manufacturer's instructions. In short, tissue was incubated in PAXgene Tissue FIX Container (Qiagen, GER) at room temperature over night. Fixated tissue was transferred into PAXgene Tissue FIX Container (Qiagen, GER) at 4°C until paraffin embedding (1-2 days) or kept at -20°C if embedding was not performed instantly.

### **Primary cell isolation and culture**

For primary cell isolation, tissue was thawed 45-60s in 37°C water bath and cut in 1mm<sup>3</sup> pieces and washed with medium (advanced DMEM-F12, Hepes 1M, 1% L-Glutamine, 1% penicillin (100U/ml), 1% streptomycin (0.1mg/ml), 1% amphotericin B (0.25mg/ml) (Merck, CH) and DPBS (Thermo Fisher, CH). After aspiration of the medium, the tissue was incubated in 5ml digestion medium (10mg/ml Collagenase IV (Worthington, USA), 0.25% Trypsin-EDTA (Sigma-Aldrich, CH), 10mg/ml DNase (Roche, CH) in advanced DMEM-F12, Hepes 1M, 1% L-Glutamine, 1% penicillin, 1% streptomycin, 1% amphotericin B) in a gentleMACS™ dissociator (Miltenyi Biotec, CH) for 1 hour at 37°C (programme TDK\_1). After digestion, Trypsin was deactivated with AdvDMEM (Advanced DMEM-F12, 5% FBS, Hepes 1M, 1% L-Glutamine, 1% penicillin-streptomycin-amphotericin B) and cells were filtered through a 70µm smart strainer (Miltenyi Biotec, CH) to remove debris of collagen. Red blood cells were lysed for 3min with ACK lysis buffer (Thermo Fisher, CH) at room temperature. After 180g centrifugation and aspiration of supernatant, the pellet was re-suspended in AdvDMEM+GF medium (DMEM-F12, 5% FBS, Hepes 1M, 1% L-Glutamine, 1% penicillin-streptomycin-amphotericin B, 20ng/ml EGF, 10ng/ml bFGF (Thermo Fisher, CH), 100ng/ml PIGF, 769ng/ml IGF1 (Selleckchem, USA)). Cell suspension was plated in 24-well plates (cell+coated and TC tested, Sarstedt, GER) followed by a short spin 30s, 200g and incubation for 1h (21% O<sub>2</sub>, 5% CO<sub>2</sub>, 37°C) to partially segregate fibroblasts by attachment. Supernatant was collected. For single cell dissociation the cell suspension was transferred into a 5ml falcon tube and shortly spun down depending on cell/aggregate size. If larges aggregates were present cells were spun at 100-200g, if smaller aggregates were present cells were spun 200-300g. Cell pellet was washed with DPBS and incubated in Accutase (Thermo Fisher, CH) supplemented with DNase (10mg/ml) (Thermo Fisher, CH). Cells were carefully dissociated by repeated (10-15x) passage through 1ml syringe and 26G 0,45x13mm Microlance™ (BD, CH) until aggregates were not visible anymore. Cell number was estimated using a hemocytometer and seeded in AdvDMEM+GF medium in 24-well Corning® Costar® ultra low attachment (ULA) plates

(Corning, USA) ( $5 \times 10^5$  cells/ml/well). After two days of recovery phase cellular aggregates were collected in 15ml falcon tube and differentially centrifuged at 120g for 5min to separate cells and aggregates from debris/apoptotic cells. Supernatant was aspirated to remove semi-and non-viable cells. Cells were counted and resuspended in fresh AdvDMEM+GF medium supplemented with 123 $\mu$ g/ml growth-factor-reduced Matrigel® (Corning, USA) and plated in 96-well ULA plates (50 $\mu$ l/well,  $3-4 \times 10^3$  cells/well). The setup consisted of 6-9 DMSO-positive control wells, 6 no-cell-negative control wells and technical triplicates for each drug concentration.

### Viability measurement

Real-Time Glo MT Cell Viability Assay (RTG) was used to *repeatedly* monitor cell viability in 3D human primary PanNET culture. RTG assay was performed according to manufacturer's instructions and luminescence was measured in an Infinite® 200 PRO plate reader (Tecan, CH). In brief, after three days of sphere formation conditioned medium of each well was supplemented with additional 50 $\mu$ l of fresh AdvDMEM+GF medium containing Matrigel and 2X Real-Time Glo™ MT Cell Viability Assay (RTG) (Promega, CH) assay reagents to a final volume of 100 $\mu$ l. Growth factors and FBS were replenished from a concentrate (0.77 $\mu$ l GFs (130x) + 5 $\mu$ l FBS) every 3-4 days in each well using a multichannel pipette. A 6h-RTG-baseline before adding drug compounds was recorded for every well at day 0 of the drug screen. For calculating the *in vitro* growth curve, relative luminescence unit (RLU) values were normalized to corresponding baselines. For calculating the *in vitro* drug response RLU values were normalized first to corresponding baselines followed by normalization to the DMSO control wells of a particular day as described in more details in the paragraph "curve fitting and drug sensitivity data".

### Micro-cell-block (MCB) from islet-like tumoroids

Islet-like tumoroids corresponding to  $3-5 \times 10^4$  cells were collected in a 1.5ml Eppendorf tube (either directly at day of isolation (D0) or from 6-9 wells of a 96-well ULA plates at the end of a drug screen (D15)). Tumoroids were washed with DPBS and pelleted at 350-500g. The supernatant was aspirated and the cells resuspended in human plasma derived from whole blood (Interregional Blood Transfusion SRC Epalinges, CH) and Thrombin (Diagnostec, CH) (ratio 5:1) followed by 3 min incubation at room temperature. The clot was fixed with 4% PFA for 30-60min protected from light. After a DPBS wash supernatant was aspirated and cells were incubated in Hematoxylin and DPBS solution (ratio 1:8) on a rocker shaker for 10-15min at room temperature. The counterstained clot was transferred to a plastic micro-cassette for paraffin embedding. For immunohistochemistry embedded material was cut in 4 $\mu$ m thick serial sections followed by deparaffinization, rehydration and antigen retrieval using an automated immunostainer (Bond RX, Leica Biosystems, GER). Antigen retrieval was performed for Ki67 (Dako M7240) with Tris for 30 minutes at 95°C, insulin (Sigma I-2018) and synaptophysin (Novocastra 27G12) with Tris for 30 minutes at 100°C. Antibodies were diluted as follows: Ki-67 1:200, insulin

1:4000, synaptophysin 1:100. Slides were counterstained with hematoxylin. Scans were acquired with an automated slide scanner Panoramic 250 (3DHistech, HU) at 20X magnification. Images were acquired using QuPath software [35].

### Drug preparation

Compounds (Sunitinib (S1042), everolimus (S1120) and temozolomide (S1237)) were obtained from commercial vendors and stored as stock aliquots at -80°C. A 5-point, 625-fold concentration range (FCR) was used for all compounds in order to have enough data points and a sufficient large drug concentration window to calculate reliable absolute IC50s [36]. Starting dosage for each compound was selected based on IC50 screens in cancer cell lines publicly available online (see Cancerrxgene.org, PharmacDB, Cancer Drug Resistance DB), from literature search and/or from *in vitro* data from pilot human primary cell cultures and/or from PanNET cell lines (QGP1, NT3, BON1).

### Curve fitting and drug sensitivity data

Drug-response curve data consisted of 6-9 DMSO-positive-controls, 6 no-cell-negative-controls, and five drug-response points for a 626-FCR. For IC50 calculation RLU values that were derived from RTG assay from short-term treatment at day 3 and long-term treatment at day 7 of each well were weighted and normalized as the following: RLU values from each 6h-RTG-baseline measurement ( $RLU_x d0$ ) were scaled with the overall minimal value of day 0 for each plate ( $RLU_{min. d0}$ ) and transferred into a baseline weight ( $RLU_x \text{ weight}$ ) for each well to minimize well-to-well variability:

$$RLU_x \text{ weight} = \frac{RLU_x d0}{RLU_{min. d0}} \quad (1)$$

Each RLU value from day 3 was then accordingly weighted to its baseline weight:

$$RLU_x d3/7 \text{ weight} = \frac{RLU_x d3/7}{RLU_x \text{ weight}} \quad (2)$$

The percentage response from weighted RLU was calculated by normalizing each value to no-cell-negative-control (0%) and DMSO-positive-control (100%) interval. These data points were fitted in a 4-Parametric-Linear-Regression (4PL) model [34,37] with two constraint Top=100% and Bottom=0% to estimate corresponding IC50. IC50 value differences of >4-fold were clustered in strong-responder (SR) and weak-responder (WR) groups. In case of an IC50 value >2.5-fold higher than the highest tested target-concentration samples were considered as non-responder (NR).

## QUANTIFICATION AND STATISTICAL ANALYSIS

### QuPath Image Analysis



Using QuPath software [35] digital-scanned H&E and Synaptophysin (SYN) tissue sections were first preprocessed in the built-in visual stain editor using default settings for estimation of stain vectors to improve staining quality. Each tissue section was then superimposed with a 1000 $\mu$ m grid box. In each tissue section one representative tile out of the grid box was selected by a cytopathologist (M.T.) as a training set. Using a watershed segmentation method, positive and negative cells were automatically detected within each representative tile. Two pathologists (M.T., A.P.) then manually reconfirmed positive cell detection based on histomorphological features including cellular and nuclear shape, tumor cell nest-formation, tumor columns, nuclear "salt and pepper" structure, nuclear and cytoplasmic staining intensity. A minimum of  $\geq 1000$  cells were selected for each training set and a total of 67 parameters (including perimeter, circularity, staining OD etc.) were included for training of the random-trees machine learning classifier. The auto-update tool within QuPath allowed real-time reconfirmation of training efficiency/accuracy. This cell detection parameters were applied on the whole tissue slides by creating a script which performed automated cell classification/annotation. Detection results were extracted from QuPath and imported and analysed within R.

Graph Pad Prism (Version 8.2.1) and R statistical environment were used for data analysis and visualization in R version 3.6.2 (2019-12-12) Platform: x86\_64-w64-mingw32/x64 (64-bit). Attached base packages: Grid; stats; graphics; grDevices; utils; datasets; methods; base. Other attached packages: [1] scales\_1.1.0; [2] MASS\_7.3-51.4; [3] reshape2\_1.4.3; [4] ConsensusClusterPlus\_1.50.0; [5] circlize\_0.4.8; [6] ComplexHeatmap\_2.2.0; [7] RColorBrewer\_1.1-2; [8] Rmisc\_1.5; [9] plyr\_1.8.5; [10] lattice\_0.20-38; [11] plotrix\_3.7-7; [12] cowplot\_1.0.0; [13] forcats\_0.4.0; [14] stringr\_1.4.0; [15] dplyr\_0.8.3; [16] purrr\_0.3.3; [17] tidyr\_1.0.0; [18] tibble\_2.1.3; [19] ggplot2\_3.2.1; [20] tidyverse\_1.3.0; [21] broom\_0.5.3; [22] readr\_1.3.1

### **Hierarchical clustering analysis of drug response profiles**

Using ConsensusClusterPlus pipeline [38] the number and membership of clusters was determined for drug response profiles based on patient specific IC50 values of all three drug treatments. Distances were calculated using Pearson's correlation sorted by an agglomerative hierarchical clustering algorithm. WardD2 algorithm was used for subsampling and the final consensus matrix was determined by group average.

### **Gene expression analysis**

Mean expression values of growth factor receptors were analysed in publicly available data of 26 PanNET patients. RNAseq data was downloaded from the ICGC Data Portal (PAEN-AU project). QC, mapping/alignment and raw count quantification is described in Scarpa et al. [2]. From RSEM data output for our downstream analysis we chose FPKM (fragments per kilobase of exon per million fragments mapped) normalization method to account for sequencing depth and gene length for all raw read counts. A list of all available growth factor receptor (GFR) was acquired from the UniProt

Knowledgebase [39]. Expression values of all targets were transformed into a 0 to 1 scale for each patient to allow interpatient comparability. Mean values for each target receptor were then calculated in all of the 26 PanNET patients:

$$\text{Expression value} = \text{Mean}(\text{Scaled}_{0..1}(\text{FPKM normalized raw counts})) \quad (3)$$

Chi-Square test and Monte-Carlo simulation

A  $\chi^2$ -test of independence was conducted among all variables of interest. In order to meet requirements for  $\chi^2$ -test statistic and to account for relatively small expected cell frequencies our dataset was resampled using a Monte Carlo simulation (replication= $1 \times 10^5$ ) allowing to calculate p-value estimates.

#### **DATA AND CODE AVAILABILITY**

Original RNAseq dataset from human primary PanNET is publicly available at ICGC Data Portal (PAEN-AU project). Complete expression data of growth factor receptors is available in supplementary data sheet. The code supporting the current study has not been deposited in a public repository because analysis code was generated from generic R-packages, but code is available from the corresponding author on request.

## Results

### Cryopreservation allows a multi-center approach

PanNET tumors are rare, therefore a collaborative network is crucial. Here we propose a novel platform for an effective multi-center approach which permits biobanking of cryopreserved PanNET tissues from multiple surgical centers by a single central institution which performs primary cell isolation and drug testing (Fig. 1A). After tumor resection, half of the specimen was formalin-free PAXgene-fixated and paraffin embedded. These so-called mirror blocks served as controls for sample quality and were used to pre-assess patient specific PanNET characteristics and tumor cell content in H&E stainings and synaptophysin (SYN) immunohistochemistry - a NET biomarker routinely used in clinics for diagnosis of PanNET. The other half was immediately cryopreserved in recovery freezing medium and later shipped and processed for primary cell isolation and *in vitro* drug screening.

### Development of a 3D human primary PanNET cell culture model

Within this study, we performed 19 isolations from samples of 16 PanNET patients. Patient characteristics are summarized in Supplementary Table 1. In the first part of the study (12 patients), we setup the sampling, isolation and culture conditions. Two additional isolations were used for live-cell-imaging to observe tumoroid formation. In the proof-of-concept part of the study (7 patients, including 3 patients that were also included in the method & development cohort) we tested the suitability of the setup for *in vitro* drug screening (Fig. 1B). During method development, we successfully isolated small aggregates and single cells from cryopreserved patient material in 73% (8/11) (Supplementary data file 1). Age, sex, and other clinical parameters such as WHO grade, TNM staging, and Ki67 did not reveal significant association to isolation success and/or cellular yield (Supplementary Fig. 1A).

In three patient samples, isolation did not yield aggregates or single cells, which we attribute to the collection of largely acellular fibrotic or necrotic tissue as revealed from H&E stainings of corresponding mirror blocks (Supplementary Fig. 1B). Therefore, careful macroscopic selection of viable cellular tumor regions is crucial. Upon implementation of SOPs for sampling at the surgical centers, we observed strong quality improvements. In two patient samples (P005, P051) yielding successful cell isolation we detected overgrowth of fibroblasts after 15 days (Supplementary Fig. 1C). This led us to implement a low FBS concentration in the culture medium and to include a partial fibroblast reduction step during cell isolation. Thus, cell suspension was plated on coated plastic for 2 hours followed by gently rinsing for collection of low-adhesive non-stromal cells. Two tumor cell extracts (P032x, P033) were negative for synaptophysin IHC stainings on conventional cytopspin preparations and not hence excluded for further culture. However, a post hoc analysis by a cytopathologist (M.T.) revealed that these cells were tumoral cells (Supplementary Fig. 1D). Consequently, to assess tumor cell content accurately, we implemented a formalin fixating paraffin

embedding (FFPE) technique termed micro-cell-block (MCB). Micro-cell-blocks retain cellular- and tumoroid morphology and requires only a low cell number. Micro-cell-blocks at the day of isolation (D0) served as an internal quality control to assess successful fibroblast removal and to guide decision for continuation of the drug screening pipeline. Micro-cell-blocks at the end of the experiment (D15) allowed to quantify tumor cell content (TC) from SYN immunohistochemistry and to reconfirm target cell identity on H&E stainings.

To account for more physiological cell culture conditions a PanNET-*specific* culture medium was developed combining literature and human transcriptomic data from 26 low grade PanNETs [2]. We selected growth factors that were frequently reported in PanNET literature [13,15,40] and for which - except of EGFR- all the target receptors (FGFR1, IGFR1/2, FLT1/VEGFR1, EGFR) were within the upper expression quintile (<28/151) of all currently available growth factor receptors and related proteins [40] in human PanNET patients (Supplementary Fig. 1A). Additionally, PanNET culture medium was supplemented with low percentage of extracellular matrix. Several findings showed improved *in vitro* culture from Matrigel-complementation due to scaffolding support [41–45]. Low concentration Matrigel-supplementation stabilized PanNET culture, without leading to a transient artificially increased cellular growth as seen with higher supplementation (data not shown).

### **Human primary PanNET cells form islet-like tumoroids and retain neuroendocrine phenotype *in vitro***

After isolation and cell culture refinement we performed life cell imaging in two human PanNET samples. We isolated single cells from cryopreserved primary PanNET tissue (B992) and a PanNET liver metastasis (B563m). Isolated cells from both patient specimens were viable. Live-cell-imaging for 12 days revealed that isolated cells formed structures similar to extracted murine islets [46] which we hence termed islet-like tumoroids (Supplementary Fig. 2B). Islet-like tumoroids reached a more defined round structure after 72h through aggregation and thereafter remained stable in volume (Supplementary Fig. 2C, Supplementary Video). Fourteen days after isolation, histomorphology of the islet-like tumoroids was examined and compared to corresponding mirror blocks. Islet-like tumoroids from primary and metastatic PanNET patient samples retained expression of synaptophysin (SYN), confirming that most of the cells consisted of tumor cells with preserved neuroendocrine phenotype (Fig. 1C). Furthermore, islet-like tumoroids from B992 expressed insulin as the original tumor tissue. The low percentage of Ki-67 positive tumor cells (2%) *in vitro* matched with the proliferation index described in the original tumor tissue (Ki-67 index <2%) (Fig. 1C, top, Supplementary Table 1). Similarly, the percentage of proliferating cells was retained in the metastatic PanNET sample (B563m), with Ki-67 index of 12% in the original tumor tissues and 15% in cultured cells, respectively (Fig. 1C, bottom, Supplementary Table 1).

## Setting up an *in vitro* drug screening pipeline for islet-like tumoroids

After the successful pilot experiment, we sought to implement a pipeline for *in vitro* drug screening (Fig. 2A). Following a two-day recovery phase after initial isolation, cells were replated from a 24-well format into 96-well plates. By this time, the majority of semi- and non-viable cells from isolation had segregated from viable cells. As seen in previous live-cell-imaging analysis (Supplementary Fig. 2B+C), during 72h incubation in the 96-well plate, cells formed islet-like tumoroids with only minor changes thereafter indicating a suitable time point for starting the drug treatment. Growth factors were replenished at days D2, D5, D8 and D12 after initial isolation. Due to low cell numbers available from PanNET specimen we selected Real-time Glo (RTG) - a metabolic non-lytic assay- as a surrogate of cell viability. Pre-treatment 6h-baseline measurements were recorded to normalize on an individual well basis and to correct for variability in cell number. Viability of islet-like tumoroids in each well was repeatedly (8x) monitored over a time course of 10 days before storing the cell material for further downstream analysis.

## PanNET screening pipeline in control conditions

As a proof-of-concept experiment, we tested the PanNET drug screening pipeline with seven patient samples. Tumor cells were successfully isolated in all seven PanNET specimen. Quantification of tumor cells in mirror blocks of original tumor tissue showed variable tumor content within tissues and among patients ( $70\pm 18\%$ ,  $n=7$ ) (Supplementary Fig. 3A+B). Yet, assessment of HE stainings and synaptophysin immunohistochemistry on micro-cell-blocks at the day of isolation (D0) by a cytopathologist (M.T.) reconfirmed successful selection of tumor cells after isolation and fibroblast depletion in all samples used for drug screenings ( $93\pm 15\%$ ,  $n=7$ ) (Supplementary Fig. 3A+B). Moreover, successful culture of tumor cells was also reconfirmed in micro-cell-blocks at the end of each experiment (D15) ( $95\pm 11\%$ ) (Supplementary Fig. 3A+B). In all patient samples, islet-like tumoroids were formed and remained viable in 85% (6/7) for 15 days in culture.

Following metabolic activity of untreated islet-like tumoroids during 10 days, we observed an association between *in vitro* proliferation and Ki-67 index in original tumor tissue in the majority of samples: Metastatic patient sample (B563m) with Ki-67 index of 15% in the original tumor tissue displayed a the highest signal increase (3.8-fold), while four patient samples with lower Ki-67 indices (P049, P050, P051, B931) signal increased between 1.1 and 1.7-fold (Fig. 2B). In patient sample P044 this association was weak exhibiting an increase of 1.6-fold despite a Ki-67 index of 18% in the original tumor tissue. P040 was the only sample with decreasing signal in untreated condition, hence, long-term time points (>72h) from this particular patient sample were not included in further analysis.

## *In vitro* drug response in Islet-like tumoroids shows distinctive sensitivity profiles

To assess whether 3D human primary PanNET culture could be exploited to predict patient drug response *in vitro*, we evaluated the effect of three clinically approved PanNET treatments on cell viability [47]. 3D human primary PanNET cultures from seven different patients were screened for response to sunitinib (SUN), everolimus (EVE) and temozolomide (TEM). A 5-point, 625-fold drug concentration range ensured a sufficient exploratory drug screening window for accurate IC50 estimation based on mathematical modelling [36]. As starting points IC50's from publicly available databases were interrogated for each drug, followed by pilot assessments of their anti-proliferative effect in PanNET cell lines and murine primary cells (data not shown) as well as further literature research. Cells were treated for 10 days and viability was repeatedly monitored at eight time points during drug screening. Drug response profiles differed clearly among the three standard of care treatments. Dose-dependent effects of sunitinib (SUN) and everolimus (EVE) were observed in all tested patient samples (Fig. 3A, Supplementary Fig. 4A). Interestingly, comparing inter-*patient* drug responses we detected varying treatment sensitivities among patients (Supplementary Fig. 4A). IC50 values determined after short-term (72h) treatment displayed two clearly distinct groups within sunitinib treatment and within everolimus treatment harboring >4-fold differences in respective IC50 (Fig. 3B). Also consensus clustering matrix and hierarchical cluster analysis (k=4) displayed robust response groups for short-term (72h) treatments (Fig. 3C): A strong-responder group with samples sensitive to both treatments (P049), a group responding either primarily to everolimus (P049, P040, B563m) or to sunitinib (P050, B931, P051) -which we termed mixed-response group-, and a weak-responder group including one sample insensitive to all treatments (P044). Importantly, in a integrative hierarchical cluster analysis, short-term treatment IC50s - for the majority of patients- clustered closely together with long-term treatment IC50s emphasizing robustness of the readouts (Supplementary Fig. 4B). Interestingly, in one case (B931) differences between short-term and long-term treatment were detected (Supplementary Fig. 4B).

## Discussion/Conclusion

Current murine and human cell line models do not accurately represent human well-differentiated slow proliferative PanNETs, nor distinct human molecular subtypes, nor inter-*patient* variability. In this study we present a human PanNET screening platform allowing multi-center sample collection of cryopreserved patient specimen with a 86% success rate in primary cell isolation and cell culture. Isolated cells of well-differentiated slow proliferative PanNET can be cultured in 3D and screened *in vitro* assessing response profiles to standard of care treatments for PanNETs. Since the cell number was the major limiting factor, we established protocols that are optimized for minimal amounts of resection specimen.

We present cryopreservation as a solution to make multi-centric studies possible, thereby overcoming the issue of the rarity of PanNET samples. While difficult to implement in different centers, this generation of “living cell repositories” is promoted as innovative biobanking setting [48], and increasingly used in translational research [49]. To account for more physiological conditions, growth factor supplementation for our PanNET culture medium was based on a combination of literature research [13,15,40], transcriptomic analysis of growth factor receptors, as well as pilot experiments testing different growth factor concentrations and combinations. Final PanNET culture medium composition was selected according to best retention of viability during the 15-day period to minimize selection. This approach is clearly different from classical organoid approaches, where the culture medium selects for stem cell-like cells, and where these cells are kept individually e.g. in matrigel in order to produce clonal organoids [50,51]. The aim of our presented “tumoroid” model is to *in vitro* treat a similar tumor cell composition as present in the patient. Following this approach we can obtain a remarkable success rate of 86%, but we acknowledge that classical organoid models have many other advantages such as the potential to intervene mechanistically [52–54]. With a retention of  $\pm 70\%$  of isolated cells in experiment before the drug screening we believe that selection bias is minimal and that we are capable of treating the majority of cells representing the original tumor [55]. Compared to the limited number of studies using primary PanNET tissues in 2D culture [15–18], we observe a reproducibly extended life span of the isolated cells up to 15 days. Longer experiments would also be possible at least in a subgroup of tumors – however - typically we did observe major changes in viability already during the first three days of treatment.

We show that primary cells isolated from PanNET express original tumor characteristics and retain their neuroendocrine phenotype after 15 days. Interestingly, isolated cells form islet-like tumoroids *in vitro*. Similarly, non-neoplastic endocrine pancreatic cells are physiologically structured as islets. Kojima *et al.* reviewed the history of abundant findings which revealed that single cell suspension of endocrine pancreatic tissue from several species form islets-like structures and reconstitute their original

architecture *in vitro* [56]. Currently, we do not know whether this reflects endocrine specific phenotype or an even broader epithelial phenotype.

With the conditions presented, isolation and culture were successful in 6 out of 7 patients (86%). Only one sample (P040) showed a loss viability after 7 days and was excluded from further long-term treatment analysis. During 3D culture, all G1 PanNET patient samples expectedly displayed marginal growth, whereas metastatic patient sample B563m (Ki-67 index of 15%) showed the highest growth *in vitro* (3.8-fold in 10 days). One G2 sample (P044, Ki-67 index of 18%) exhibited a somewhat lower growth of 1.6-fold in 10 days. It seems not surprising to infrequently observe a rather weak association of Ki-67 index and *in vitro* proliferation. Indeed, a clear linear correlation of Ki-67 index to tumor growth rate has not been demonstrate clinically, to our knowledge. Biologically, proliferation represents only one aspect out of many: We neither have knowledge about different fraction of cell-death within our PanNET specimen, nor do we know exact durations of cell-cycles for the isolated cells from individual patient specimen.

*In vitro* treatment with clinically approved chemotherapeutics for advanced PanNET disease revealed overall distinctive response profiles and drug sensitivities based on IC50s. Comparing short-term (72h) vs. long-term treatment (7days and 15 days) showed identical results in the majority of samples, indicating that this different time windows are potentially of minor importance. However, in one tumor (B931) we observed differences between short-term and long-term treatment. While it might not be important to use long-term treatment for detecting primary response in sunitinib and everolimus treatment, prolonged treatment could be of potential importance for other chemotherapeutics. In our series, we do not see a clear response to temozolomide (TEM) in all of the 7 PanNET examined. A possible explanation for this is the mechanism of action of TEM which is strongly linked to cellular proliferation. Cytotoxicity of TEM is mediated by O6-methylguanine adducts, which can mis-pair with thymine during DNA replication. The resulting futile cycles of DNA processing induce cytotoxic double-strand DNA breaks that trigger apoptosis [57,58]. Due to the low proliferation rate of our samples a time-window of 10 days may be still too short for a detection of measurable effects. In line with that, metastatic patient sample (B563m) that proliferated *in vitro* shows at least a faint response to TEM in our screen - even if the IC50 estimation is still far from our tested drug concentration window (Supplementary Fig. 4A) and even if the sample has been scored as weak-responder. We can exclude non-potency of the chemotherapeutic compound itself since our implemented 625-fold concentration window (0.46uM - 288.00uM) covers a sufficiently large drug window tested in PanNET and glioblastoma cell lines (data not shown) to eliminate this as a potential bias.

In other tumor entities it has been shown that *ex vivo* drug response correlates with patients response in primary cell culture approaches similar to our setup (e.g. esophageal adenocarcinoma, breast cancer and head and neck squamous cell carcinoma) [59–61] and in patient-derived xenograft models [62,63].



Further studies are needed to evaluate whether the observed *in vitro* sensitivity will correlate to clinical response in PanNET patients as well. To answer this question, first a prolonged clinical follow-up is crucial. Secondly, a larger patient cohort will be needed to perform correlation analysis and to have enough statistical power. Full clinical follow-up data of all enrolled patients is therefore collected. Chemotherapy-specific *in vitro* treatment duration and concentration range with the highest predictive value will be defined by comparison of clinical data with the *in vitro* drug response. Due to the non-lytic approach, the islet-like tumoroids are collected after the experiment and are available for endpoint analysis e.g. transcriptomic analysis, as is the original tumor material from patients. The presented PanNET screening platform might therefore serve as a basis for developing personalized treatment of PanNET patients, performing molecular analysis on the original tissue to be able to potentially detect predictive markers.

We are well aware that the present protocol still bears limitations. It depends on surgical resection specimens of PanNET metastases and high stage tumors, however, most of these patients are diagnosed via biopsies of liver metastases. With further experience the protocol has the potential being adapted to biopsy specimens, however, some biological role must be proven first to ethically justify additional biopsies. The composition of growth factors could certainly be refined further, and the culture system is still a model missing stromal and inflammatory factors potentially contributing to tumor response.

In conclusion, we present a 3D human primary PanNET screening platform as a new preclinical model which reflects the characteristics of an individual tumor and has the capability to detect differential treatment response. Therefore, this model has the potential to pave the way towards more personalized medicine for PanNET patients in the future, including better patient stratification and identification of novel and experimental treatments.

## **Acknowledgement**

We thank the Tissue Bank Bern (TBB, Bern, Switzerland) and the Translational Research Unit (TRU, Institute of Pathology, Bern, Switzerland) for their technical, material and administrative support and the Cytopathology (Institute of Pathology, Bern, Switzerland) for technical support processing FFPE material. We also thank Dr. med. Joel Zindel, Mr. Philipp Zens, and Mr. Hassan Sadozai for their constructive feedback on the manuscript drafts.

## **Statement of Ethics**

Subjects (or their parents or guardians) have given their written informed consent and the study protocol was approved by the cantonal authorities (Kantonale Ethikkommission Bern, Ref.-Nr. KEK-BE 105/2015) and Italian ethic commission (Comitato Etico, CE 252/2019).

## **Disclosure Statement**

All the authors declare no competing financial interest. There is no conflict of interest that could be perceived as prejudicing the impartiality of the research reported.

## **Funding Sources**

The study was supported by Wilhelm Sander to Ilaria Marinoni and Swiss Cancer League Grant (KLS 3360-02-2014) to Aurel Perren. Valentina Andreasi's PhD scholarship and Francesca Muffatti's research fellowship were supported by Gioja Bianca Costanza legacy donation.

## **Author Contributions**

A.P., I.M., T.W. and S.L.A.M. designed the study. T.W. and S.L.A.M. developed tumoroid methodology. T.W., M.S. and S.L.A.M. performed experiments and data acquisition. S.L.A.M. analyzed and visualized data. M.T. analyzed, scored and quantified IHC. M.F., C.D., M.S.L., F.M., S.P., C.K.F. and B.G. provided patient biopsies and patient clinical information. R.M., A.D., M.S.L., V.A., M.C.Z., C.K.F., B.G. and M.S. provided administrative, technical or material support. A.P., I.M., T.W. and S.L.A.M. wrote the manuscript.

## References

- 1 Domenico AD, Wiedmer T, Marinoni I, Perren A. Genetic and epigenetic drivers of neuroendocrine tumours (NET). *Endocr Relat Cancer*. 2017 Jan;24(9):R315–34.
- 2 Scarpa A, Chang DK, Nones K, Corbo V, Patch A-M, Bailey P, et al. Whole-genome landscape of pancreatic neuroendocrine tumours. *Nature*. 2017 Mar;543(7643):65–71.
- 3 Baroni MG, Cavallo MG, Mark M, Monetini L, Stoehrer B, Pozzilli P. Beta-cell gene expression and functional characterisation of the human insulinoma cell line CM. *J Endocrinol*. 1999 Apr;161(1):59–68.
- 4 Evers BM, Ishizuka J, Townsend CM, Thompson JC. The human carcinoid cell line, BON. A model system for the study of carcinoid tumors. *Ann N Y Acad Sci*. 1994 Sep;733:393–406.
- 5 Iguchi H, Hayashi I, Kono A. A somatostatin-secreting cell line established from a human pancreatic islet cell carcinoma (somatostatinoma): release experiment and immunohistochemical study. *Cancer Res*. 1990 Jun;50(12):3691–3.
- 6 Kaku M, Nishiyama T, Yagawa K, Abe M. Establishment of a carcinoembryonic antigen-producing cell line from human pancreatic carcinoma. *Gan*. 1980 Oct;71(5):596–601.
- 7 Doihara H, Nozawa K, Kojima R, Kawabata-Shoda E, Yokoyama T, Ito H. QGP-1 cells release 5-HT via TRPA1 activation; a model of human enterochromaffin cells. *Mol Cell Biochem*. 2009 Nov;331(1–2):239–45.
- 8 Gragnoli C. The CM cell line derived from liver metastasis of malignant human insulinoma is not a valid beta cell model for *in vitro* studies. *J Cell Physiol*. 2008 Aug;216(2):569–70.
- 9 Jonnakuty C, Gragnoli C. Karyotype of the human insulinoma CM cell line--beta cell model *in vitro*? *J Cell Physiol*. 2007 Dec;213(3):661–2.
- 10 Lopez JR, Claessen SMH, Macville MVE, Albrechts JCM, Skogseid B, Speel E-JM. Spectral karyotypic and comparative genomic analysis of the endocrine pancreatic tumor cell line BON-1. *Neuroendocrinology*. 2010;91(2):131–41.
- 11 Siddique Z-L, Drozdov I, Floch J, Gustafsson BI, Stunes K, Pfragner R, et al. KRJ-I and BON cell lines: defining an appropriate enterochromaffin cell neuroendocrine tumor model. *Neuroendocrinology*. 2009;89(4):458–70.
- 12 Boora GK, Kanwar R, Kulkarni AA, Pleticha J, Ames M, Schroth G, et al. Exome-level comparison of primary well-differentiated neuroendocrine tumors and their cell lines. *Cancer Genet*. 2015 Aug;208(7–8):374–81.
- 13 Benten D, Behrang Y, Unrau L, Weissmann V, Wolters-Eisfeld G, Burdak-Rothkamm S, et al. Establishment of the First Well-differentiated Human Pancreatic Neuroendocrine Tumor Model. *Mol Cancer Res*. 2018 Mar;16(3):496–507.
- 14 Sadanandam A, Wullschlegel S, Lyssiotis CA, Grotzinger C, Barbi S, Bersani S, et al. A Cross-Species Analysis in Pancreatic Neuroendocrine Tumors Reveals Molecular Subtypes with Distinctive Clinical, Metastatic, Developmental, and Metabolic Characteristics. *Cancer Discov*. 2015 Dec;5(12):1296–313.
- 15 Falletta S, Partelli S, Rubini C, Nann D, Doria A, Marinoni I, et al. mTOR inhibitors response and mTOR pathway in pancreatic neuroendocrine tumors. *Endocr Relat Cancer*. 2016 Jan;23(11):883–91.

- 16 Mohamed A, Romano D, Saveanu A, Roche C, Albertelli M, Barbieri F, et al. Anti-proliferative and anti-secretory effects of everolimus on human pancreatic neuroendocrine tumors primary cultures: is there any benefit from combination with somatostatin analogs? *Oncotarget*. 2017 Apr;8(25):41044–63.
- 17 Mohamed A, Blanchard M-P, Albertelli M, Barbieri F, Brue T, Niccoli P, et al. Pasireotide and octreotide antiproliferative effects and sst2 trafficking in human pancreatic neuroendocrine tumor cultures. *Endocr Relat Cancer*. 2014 Oct;21(5):691–704.
- 18 Wiedmer T, Blank A, Pantasis S, Normand L, Bill R, Krebs P, et al. Autophagy Inhibition Improves Sunitinib Efficacy in Pancreatic Neuroendocrine Tumors via a Lysosome-dependent Mechanism. *Mol Cancer Ther*. 2017 Nov;16(11):2502–15.
- 19 Aboulkheyr Es H, Montazeri L, Aref AR, Vosough M, Baharvand H. Personalized Cancer Medicine: An Organoid Approach. *Trends Biotechnol*. 2018 Apr;36(4):358–71.
- 20 Broguiere N, Isenmann L, Hirt C, Ringel T, Placzek S, Cavalli E, et al. Growth of Epithelial Organoids in a Defined Hydrogel. *Adv Mater*. 2018;30(43):1801621.
- 21 Nath S, Devi GR. Three-dimensional culture systems in cancer research: Focus on tumor spheroid model. *Pharmacol Ther*. 2016;163:94–108.
- 22 Tuveson D, Clevers H. Cancer modeling meets human organoid technology. *Science*. 2019 Jun;364(6444):952–5.
- 23 Xu H, Lyu X, Yi M, Zhao W, Song Y, Wu K. Organoid technology and applications in cancer research. *J Hematol Oncol*. 2018 Sep;11(1):116.
- 24 Huang L, Holtzinger A, Jagan I, BeGora M, Lohse I, Ngai N, et al. Ductal pancreatic cancer modeling and drug screening using human pluripotent stem cell- and patient-derived tumor organoids. *Nat Med*. 2015 Nov;21(11):1364–71.
- 25 Pampaloni F, Reynaud EG, Stelzer EHK. The third dimension bridges the gap between cell culture and live tissue. *Nat Rev Mol Cell Biol*. 2007 Oct;8(10):839–45.
- 26 Bresciani G, Hofland LJ, Dogan F, Giamas G, Gagliano T, Zatelli MC. Evaluation of Spheroid 3D Culture Methods to Study a Pancreatic Neuroendocrine Neoplasm Cell Line. *Front Endocrinol*. 2019 Oct;10. DOI: 10.3389/fendo.2019.00682
- 27 Ekert JE, Johnson K, Strake B, Pardinias J, Jarantow S, Perkinson R, et al. Three-Dimensional Lung Tumor Microenvironment Modulates Therapeutic Compound Responsiveness *In vitro* – Implication for Drug Development. *PLOS ONE*. 2014 Mar;9(3):e92248.
- 28 Luca AC, Mersch S, Deenen R, Schmidt S, Messner I, Schäfer K-L, et al. Impact of the 3D microenvironment on phenotype, gene expression, and EGFR inhibition of colorectal cancer cell lines. *PloS One*. 2013;8(3):e59689.
- 29 Riedl A, Schleder M, Pudelko K, Stadler M, Walter S, Unterleuthner D, et al. Comparison of cancer cells in 2D vs 3D culture reveals differences in AKT–mTOR–S6K signaling and drug responses. *J Cell Sci*. 2017 Jan;130(1):203–18.
- 30 McMillin DW, Negri JM, Mitsiades CS. The role of tumour–stromal interactions in modifying drug response: challenges and opportunities. *Nat Rev Drug Discov*. 2013 Mar;12(3):217–28.
- 31 Weiswald L-B, Bellet D, Dangles-Marie V. Spherical Cancer Models in Tumor Biology. *Neoplasia*. 2015 Jan;17(1):1–15.

- 32 Pauli C, Hopkins BD, Prandi D, Shaw R, Fedrizzi T, Sboner A, et al. Personalized *In vitro* and *In Vivo* Cancer Models to Guide Precision Medicine. *Cancer Discov.* 2017 May;7(5):462–77.
- 33 Tiriach H, Belleau P, Engle DD, Plenker D, Deschênes A, Somerville TDD, et al. Organoid Profiling Identifies Common Responders to Chemotherapy in Pancreatic Cancer. *Cancer Discov.* 2018 Sep;8(9):1112–29.
- 34 van de Wetering M, Francies HE, Francis JM, Bounova G, Iorio F, Pronk A, et al. Prospective Derivation of a Living Organoid Biobank of Colorectal Cancer Patients. *Cell.* 2015 May;161(4):933–45.
- 35 Bankhead P, Loughrey MB, Fernández JA, Dombrowski Y, McArt DG, Dunne PD, et al. QuPath: Open source software for digital pathology image analysis. *Sci Rep.* 2017 Dec;7(1):1–7.
- 36 Sebaugh JL. Guidelines for accurate EC50/IC50 estimation. *Pharm Stat.* 2011;10(2):128–34.
- 37 Garnett MJ, Edelman EJ, Heidorn SJ, Greenman CD, Dastur A, Lau KW, et al. Systematic identification of genomic markers of drug sensitivity in cancer cells. *Nature.* 2012 Mar;483(7391):570–5.
- 38 Wilkerson MD, Hayes DN. ConsensusClusterPlus: a class discovery tool with confidence assessments and item tracking. *Bioinforma Oxf Engl.* 2010 Jun;26(12):1572–3.
- 39 The UniProt Consortium. UniProt: a worldwide hub of protein knowledge. *Nucleic Acids Res.* 2019 Jan;47(D1):D506–15.
- 40 Hilfenhaus G, Göhrig A, Pape U-F, Neumann T, Jann H, Zdunek D, et al. Placental growth factor supports neuroendocrine tumor growth and predicts disease prognosis in patients. *Endocr Relat Cancer.* 2013 Jun;20(3):305–19.
- 41 Hughes CS, Postovit LM, Lajoie GA. Matrigel: a complex protein mixture required for optimal growth of cell culture. *Proteomics.* 2010 May;10(9):1886–90.
- 42 Kleinman HK, Martin GR. Matrigel: basement membrane matrix with biological activity. *Semin Cancer Biol.* 2005 Oct;15(5):378–86.
- 43 Kutschka Ingo, Chen Ian Y., Kofidis Theo, Arai Takayasu, von Degenfeld Georges, Sheikh Ahmad Y., et al. Collagen Matrices Enhance Survival of Transplanted Cardiomyoblasts and Contribute to Functional Improvement of Ischemic Rat Hearts. *Circulation.* 2006 Jul;114(1\_supplement):I–167.
- 44 Poincloux R, Collin O, Lizárraga F, Romao M, Debray M, Piel M, et al. Contractility of the cell rear drives invasion of breast tumor cells in 3D Matrigel. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2011 Feb;108(5):1943–8.
- 45 Zheng W, Zhang W, Jiang X. Biomimetic Collagen Nanofibrous Materials for Bone Tissue Engineering. *Adv Eng Mater.* 2010 Sep;12(9):B451–66.
- 46 Montesano R, Mouron P, Amherdt M, Orci L. Collagen matrix promotes reorganization of pancreatic endocrine cell monolayers into islet-like organoids. *J Cell Biol.* 1983 Sep;97(3):935–9.
- 47 Kaderli RM, Spanjol M, Kollár A, Bütikofer L, Gloy V, Dumont RA, et al. Therapeutic Options for Neuroendocrine Tumors: A Systematic Review and Network Meta-analysis. *JAMA Oncol.* 2019 Apr;5(4):480–9.

- 48 Bolck HA, Pauli C, Göbel E, Mühlbauer K, Dettwiler S, Moch H, et al. Cancer Sample Biobanking at the Next Level: Combining Tissue With Living Cell Repositories to Promote Precision Medicine. *Front Cell Dev Biol.* 2019;7:246.
- 49 Alkema NG, Tomar T, Duiker EW, Jan Meersma G, Klip H, van der Zee AGJ, et al. Biobanking of patient and patient-derived xenograft ovarian tumour tissue: efficient preservation with low and high fetal calf serum based methods. *Sci Rep.* 2015 Oct;5:14495.
- 50 Sato T, Vries RG, Snippert HJ, Wetering M van de, Barker N, Stange DE, et al. Single Lgr5 stem cells build crypt-villus structures *in vitro* without a mesenchymal niche. *Nature.* 2009 May;459(7244):262–5.
- 51 Sato T, Stange DE, Ferrante M, Vries RGJ, van Es JH, van den Brink S, et al. Long-term Expansion of Epithelial Organoids From Human Colon, Adenoma, Adenocarcinoma, and Barrett's Epithelium. *Gastroenterology.* 2011 Nov;141(5):1762–72.
- 52 Fujii M, Shimokawa M, Date S, Takano A, Matano M, Nanki K, et al. A Colorectal Tumor Organoid Library Demonstrates Progressive Loss of Niche Factor Requirements during Tumorigenesis. *Cell Stem Cell.* 2016 Jun;18(6):827–38.
- 53 Matano M, Date S, Shimokawa M, Takano A, Fujii M, Ohta Y, et al. Modeling colorectal cancer using CRISPR-Cas9-mediated engineering of human intestinal organoids. *Nat Med.* 2015 Mar;21(3):256–62.
- 54 Drost J, van Boxtel R, Blokzijl F, Mizutani T, Sasaki N, Sasselli V, et al. Use of CRISPR-modified human stem cell organoids to study the origin of mutational signatures in cancer. *Science.* 2017 Oct;358(6360):234–8.
- 55 Weeber F, Ooft SN, Dijkstra KK, Voest EE. Tumor Organoids as a Pre-clinical Cancer Model for Drug Discovery. *Cell Chem Biol.* 2017 Sep;24(9):1092–100.
- 56 Kojima N. *In vitro* reconstitution of pancreatic islets. *Organogenesis.* 2014 Apr;10(2):225–30.
- 57 Koumariou A, Kaltsas G, Kulke MH, Oberg K, Strosberg JR, Spada F, et al. Temozolomide in Advanced Neuroendocrine Neoplasms: Pharmacological and Clinical Aspects. *Neuroendocrinology.* 2015;101(4):274–88.
- 58 Fu D, Calvo JA, Samson LD. Balancing repair and tolerance of DNA damage caused by alkylating agents. *Nat Rev Cancer.* 2012 Jan;12(2):104–20.
- 59 Lohse I, Al-Ali H, Volmar C-H, Trotta ADA, Brothers SP, Capobianco AJ, et al. Ex vivo drug sensitivity testing as a means for drug repurposing in esophageal adenocarcinoma. *PLOS ONE.* 2018 Sep;13(9):e0203173.
- 60 Majumder B, Baraneedharan U, Thiagarajan S, Radhakrishnan P, Narasimhan H, Dhandapani M, et al. Predicting clinical response to anticancer drugs using an *ex vivo* platform that captures tumour heterogeneity. *Nat Commun.* 2015 Feb;6:6169.
- 61 Naipal KAT, Verkaik NS, Ameziane N, Deurzen CHM van, Brugge P ter, Meijers M, et al. Functional Ex Vivo Assay to Select Homologous Recombination–Deficient Breast Tumors for PARP Inhibitor Treatment. *Clin Cancer Res.* 2014 Sep;20(18):4816–26.
- 62 Garralda E, Paz K, López-Casas PP, Jones S, Katz A, Kann LM, et al. Integrated Next Generation Sequencing and Avatar Mouse Models for Personalized Cancer Treatment. *Clin Cancer Res.* 2014 Mar;clincanres.3047.2013.

- 63 Weroha SJ, Becker MA, Enderica-Gonzalez S, Harrington SC, Oberg AL, Maurer MJ, et al. Tumorgrafts as *in vivo* surrogates for women with ovarian cancer. Clin Cancer Res. 2014 Jan;clincanres.2611.2013.

Accepted manuscript

## Figure Legends

### **Fig. 1. Human primary PanNET cells form islet-like tumoroids and retain their neuroendocrine phenotype *in vitro***

(A) Schematic representation of human PanNET screening platform.

(B) Vennpieagramm displaying usage of human PanNET patient material (outer circle) and individual patient (inner circle). Success rate for drug screening in PanNET patient material was 86% (6/7).

Detailed log of cell isolation is provided in Supplementary Data File 1.

(C) Representative H&E and IHC stainings of islet-like tumoroids from B992 and original primary tumor tissue B992 and islet-like tumoroids from B563m and original metastatic tumor tissue from B563m (bottom). Cultured cells were formalin-fixed and embedded after 14 days in PanNET culture medium. Formalin fixed primary PanNET tissue or cultured cells were stained for H&E, synaptophysin, insulin, and Ki-67. IHC slides were counterstained with Hematoxylin. Scale bar = 50 $\mu$ m.

### **Fig. 2. 3D human primary PanNET *in vitro* model for a personalized drug screening platform**

(A) Detailed schematic representation of *in vitro* 3D drug screening pipeline in human primary PanNET cells. GF= Growth factor replenishment, Thin ticks+ Digit=RTG viability assessment, MCB = Micro-cell-block.

(B) *In vitro* growth curve of all screened primary PanNET samples using the metabolic surrogate assay Real-time Glo (RTG) in 3D human primary PanNET culture. Cells were cultured in AdvDMEM+GF and low percentage of Matrigel in 0.16% DMSO for 10 days. Normalization was calculated based on per-well 6-hour-RTG-baseline measurement. Data represent mean  $\pm$  SEM (n=7, 3 technical replicates).

### **Fig. 3. Effect of standard of care pharmacological treatments on cell viability in 3D human primary PanNET culture**

(A) Representative *in vitro* viability curves using the metabolic surrogate assay Real-time Glo (RTG) in 3D human primary PanNET culture (P050 treated with 0.16% DMSO (Ctrl) or indicated treatment sunitinib (SUN), everolimus (EVE) and temozolomide (TEM) for 10 days. Normalization was calculated based on per-well 6-hour-RTG-baseline measurement and corresponding DMSO control of the respective day. For all tested compounds a 5-point, 625-fold concentration range was used based on vast literature research and in-house *in vitro* preliminary studies. Data represent mean  $\pm$  SEM (n=1, 3 technical replicates).



**(B)** *In vitro* dose-response curves of screened PanNET patient displaying IC50 for SUN, EVE, TEM after short-term (72h) treatment. Treatment responses (mean ± SEM) were fitted into a 4-parameter logistic regression model in GraphPad software to calculate absolute IC50. Data represent fitted curve mean (n=7). Dotted line = Absolute IC50.

**(C)** Heat map comparing absolute IC50s for SUN, EVE, and TEM in 3D human primary PanNET culture after short-term (72h) treatment. Heat map was derived using WardD2 clustering method with displaying Pearson's clustering distance using ComplexHeatmap R-package [38]. Color code represents scaled IC50 (Z-score) for each drug.

**Supplementary Table 1.** Table summarizing clinical information of the primary PanNET patient cohort.

**Supplementary Fig. 1.**

**(A)** Association table showing estimated p-values from  $\chi^2$ -test of independence using Monte Carlo simulation. Association was estimated from all variables of interest from all PanNET patients used in this study (n=16).

**(B-D)** Stainings of formalin fixed paraffin embedded (FFPE) original tumor tissue (H&E, left) and micro-cell-blocks (H&E or Synaptophysin, right) of samples derived from necrotic or acellular fibrotic tissue (A), samples with fibroblast overgrowth (B), and samples with few target cells (C). HC (SYN, left). All stainings were assessed by two pathologists (M.T., A.P.). Scale bar = 250 $\mu$ m and 50 $\mu$ m.

**Supplementary Fig. 2.**

**(A)** Mean expression values of growth factor receptors in 26 PanNET patients. RNAseq data from Scarpa *et al.* [2] was downloaded from the ICGC Data Portal (PAEN-AU project). FPKM normalization method was applied to raw gene counts. A list of all available growth factor receptors was acquired from the UniProt Knowledgebase [39]. Complete expression data of growth factor receptor is available in Supplementary Data Sheet 1. Data represent mean ± SD (n=26).

**(B)** Representative light micrographs of PanNET islet-like tumoroids from primary tumor (B992, left), liver metastasis (B563m, right). Isolated cells were cultured in 24-well ultra-low attachment plates (ULA) for 14 days. Scale bar = 200 $\mu$ m.

**(C)** Representative time points from 12 days live-cell imaging of primary human PanNET (B992). A clear formation of islet-like tumoroids can be observed after 72 hours. Snapshots were taken from Supplementary Video. Specific time points (hh:mm) are indicated in every image.

### Supplementary Fig. 3

**(A)** IHC staining and quantification of NET specific biomarker Synaptophysin (SYN) in formalin fixed paraffin embedded (FFPE) in all screened original tumor tissues (Tissue) and respective micro-cell-blocks (MCB). Tumor content in original tissue (%) was assessed by a cytopathologist (M.T.) followed by building a classifier in QuPath software [35] to automate quantification. MCBs were individually analysed by a cytopathologist (M.T.) comparing H&E and SYN staining to estimate tumor content. Data represent mean+SD (n=1-2). Scale bar = 100 $\mu$ m (left), 50 $\mu$ m (right).

**(B)** Bar graph quantifying percentage of synaptophysin positive (Syn+) cells in original tumor tissue (tissue) and 3D human primary PanNET culture at day of isolation (MCB D0) and at 15 days (MCB D15), respectively. Data represent mean  $\pm$  SD (n=7 individual patients).

### Supplementary Fig. 4

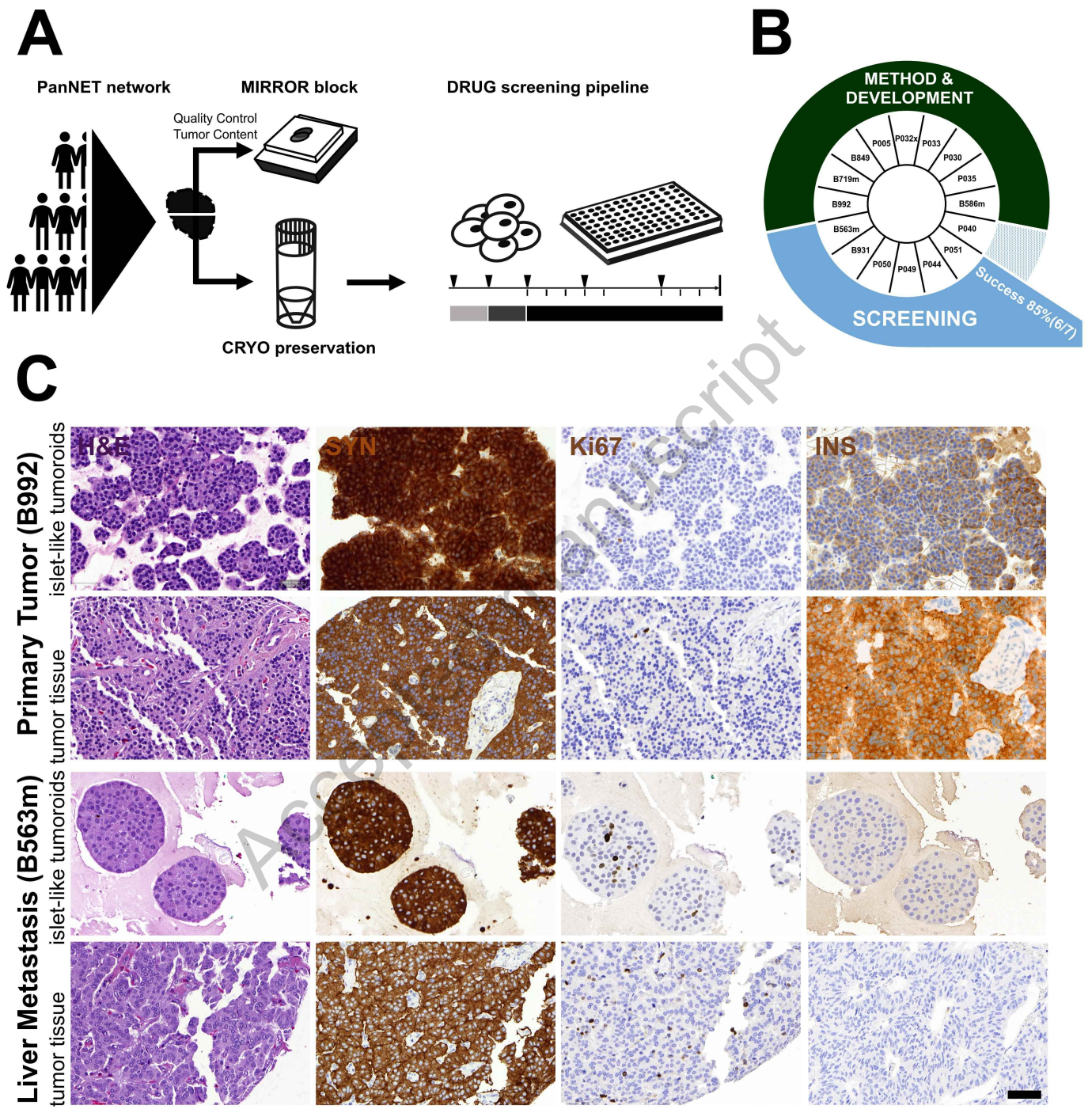
**(A)** Line graphs of all screened PanNET patients (n=7) displaying IC50 for sunitinib (SUN), everolimus (EVE), temozolomide (TEM) 7 days after treatment. Treatment responses were fitted into a 4-parameter logistic regression model in GraphPad software to calculate absolute IC50. Data represent mean  $\pm$  SEM (n=1, 3 technical replicates). Dotted line = Absolute IC50.

**(B)** Heat map comparing absolute IC50 for SUN, EVE, and TEM in 3D human primary PanNET culture at short-term (3 days) and long-term (7 days) drug treatment. Heat map was derived using WardD2 clustering method with displaying Pearson's clustering distance using ComplexHeatmap R-package. Color code represents scaled IC50 (z-score) for each drug. Vertical dashed line displays k-value from consensus clustering analysis.

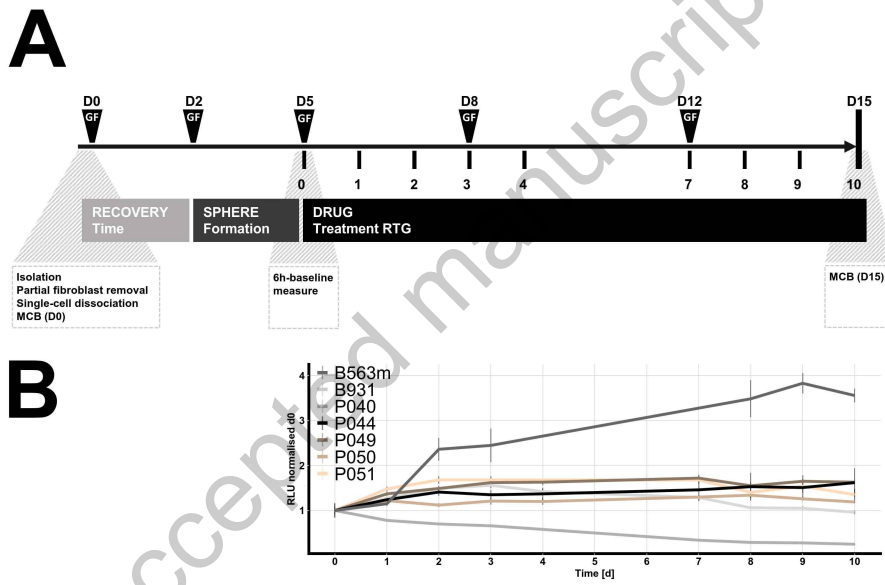
### Supplementary Video

Upon single cell isolation of sample B992, cells were seeded in a 96-well ULA plate (5000 cells/well). After two days of recovery, the plate was transferred to the Cell-IQ® (CM Technologies Oy, Tampere, Finland), a fully integrated incubator (37°C, 21% O<sub>2</sub>, 5% CO<sub>2</sub>) including an image acquisition system. Phase contrast images (20x) were captured with an integrated CDD camera every two hours for a duration of 235 hours with pre-defined positions. Images were processed using the Cell-IQ Analyser™ Cell Activation (Yokogawa) software.

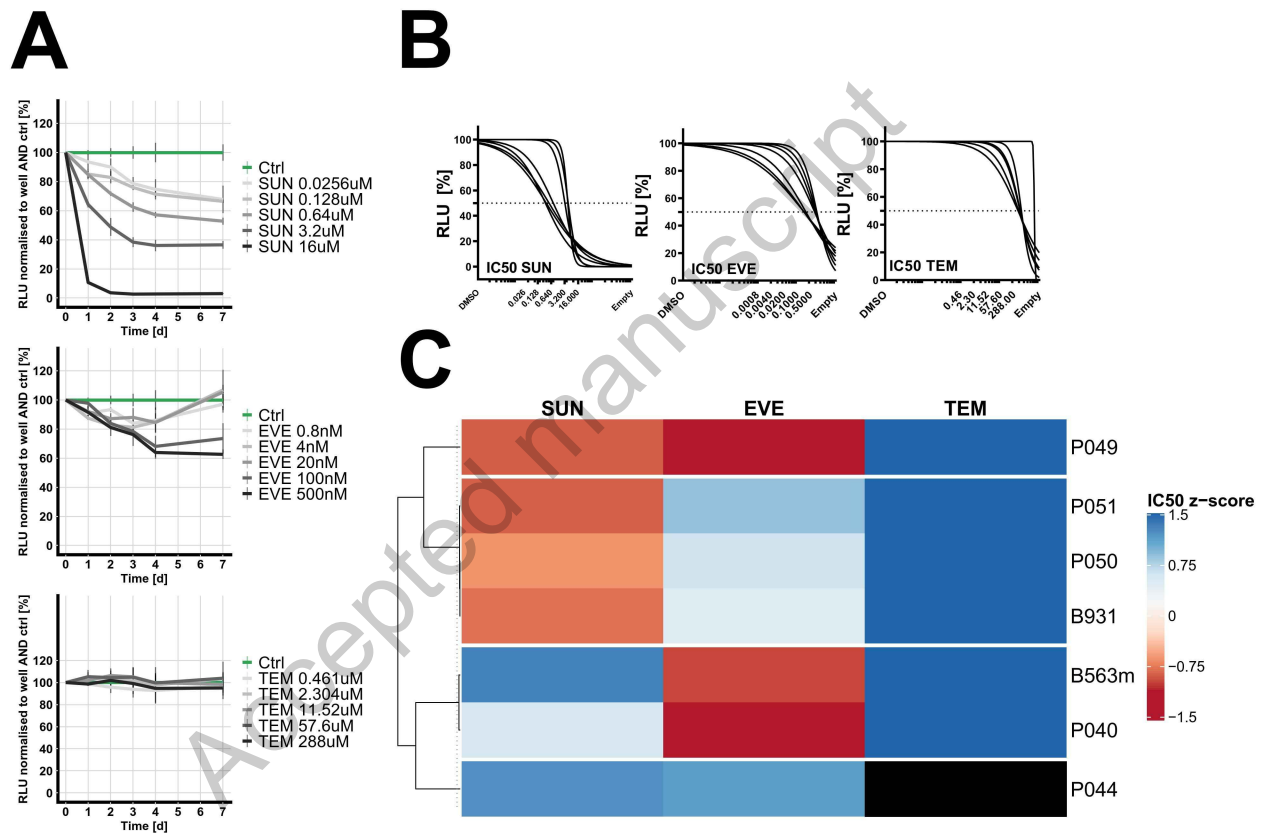
# Fig. 1



# Fig. 2



# Fig. 3



**Supplementary Table 1.** Table summarizing clinical information of the primary PanNET patient cohort.

	Age	Grade [WHO]	Sex	KI67 [%]	Size [cm]	T	N	M	TNM-staging [ENETS]	Site	Hormone secretion	Cohort
P005	65	G2	female	3	3	T3	N1	M0	3B	pancreas	Insulin	Method
B563m	65	G2	male	15	18,1	T4	NA	M1	4	liver	NF	Screen/Method
B586m	48	G2	female	5	2,5	NA	NA	M1	4	liver	NF	Method
B719	63	G2	female	5	5,5	T4	NA	M1	4	liver	NF	Method
B849	64	G1	female	1	2,4	T2	N0	M0	2A	pancreas	NF	Method
B931	46	G2	female	5	2,8	T1	N0	M0	1	pancreas	NF	Method
B992	81	G1	female	<2	2,3	T1	N0	M0	1	pancreas	NF	Method
P030	79	G2	male	7	4	T2	N1	M0	3A	pancreas	NF	Method
P032x	49	G3	male	25	3,2	T2	N1	M0	3A	pancreas	NF	Method
P033	67	G2	male	7	3	T2	N1	M0	3A	pancreas	NF	Method
P035	42	G2	male	4	2,2	T2	N0	M0	2A	pancreas	NF	Method
P040	55	G2	female	10	2,5	T2	N0	M0	2A	pancreas	NF	Screen
P044	19	G2	female	18	3,5	T3	N1	M0	3A	pancreas	NF	Screen
P049	66	G1	female	1	3,5	T2	N0	M0	2A	pancreas	NF	Screen
P050	58	G1	male	<1	2,5	T2	N1	M0	3A	pancreas	NF	Screen
P051	25	G1	female	<1	7,5	T3	N0	M0	2B	pancreas	NF	Screen/Method

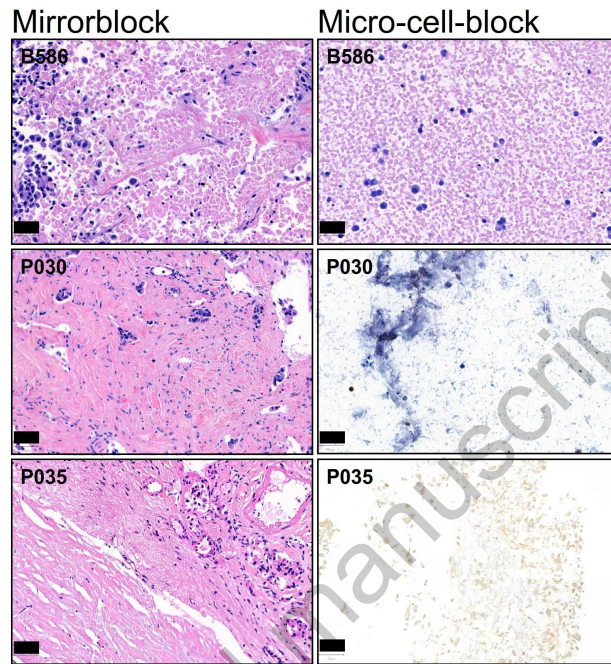


# Fig. S1

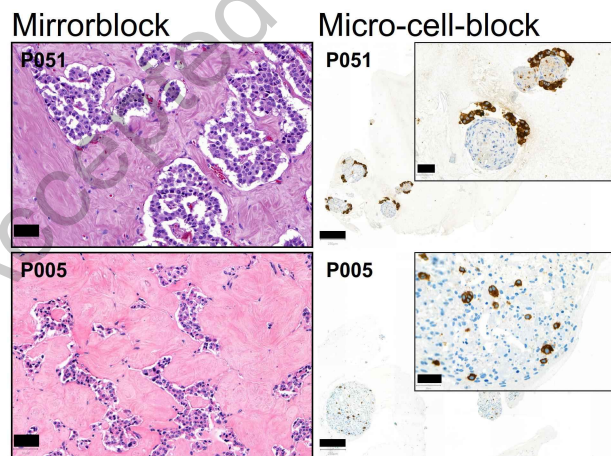
## A

Iso_Success										
0.4	Age_gr									
0.1	0.8	Sex								
0.09	0.8	0.3	Grade_WHO							
0.4	1	0.4	0.5	TNM_AJCC						
0.6	0.8	0.2	0.9	2e-04	T_stage					
0.1	1	0.1	0.3	7e-04	0.6	N_stage				
1	0.8	1	1	0.3	0.6	0.6	M_stage			
0.007	0.05	0.6	0.3	0.2	0.07	0.1	1	Cell_Yield		
0.04	1	0.1	0.7	0.6	0.8	1	1	0.2	Tissue	

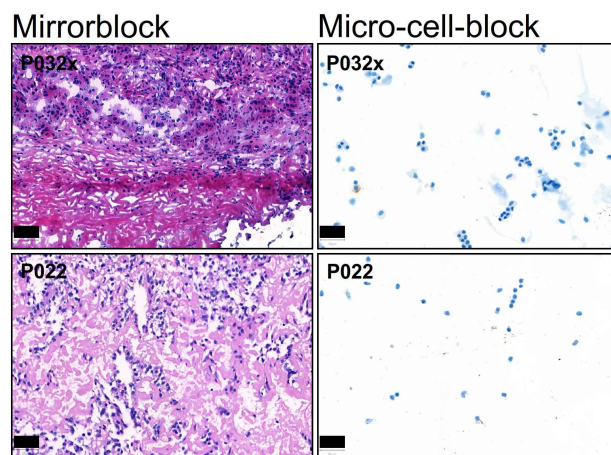
## B



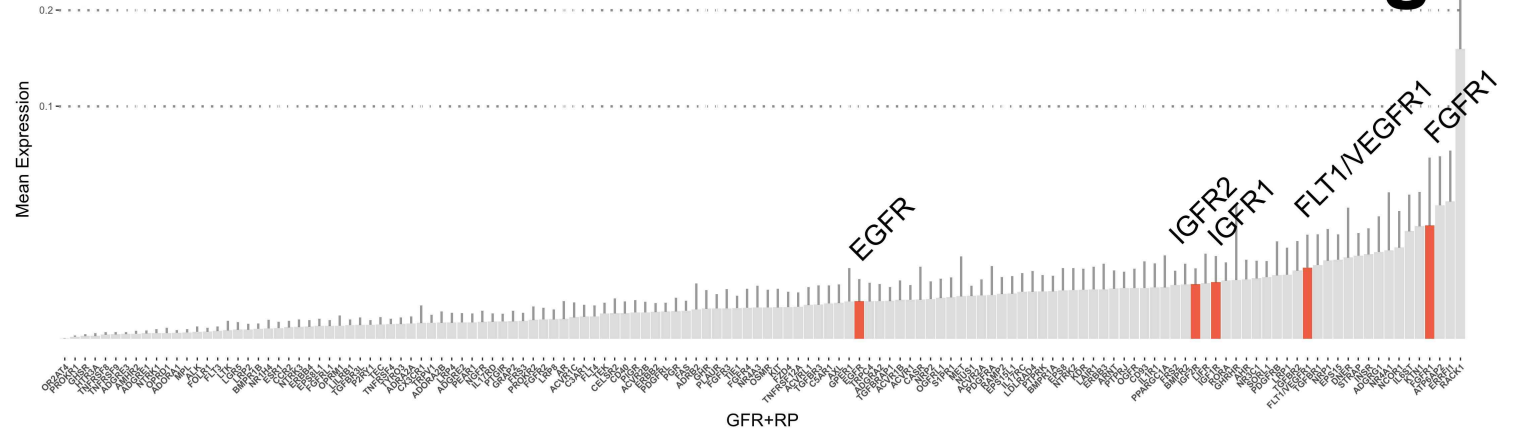
## C



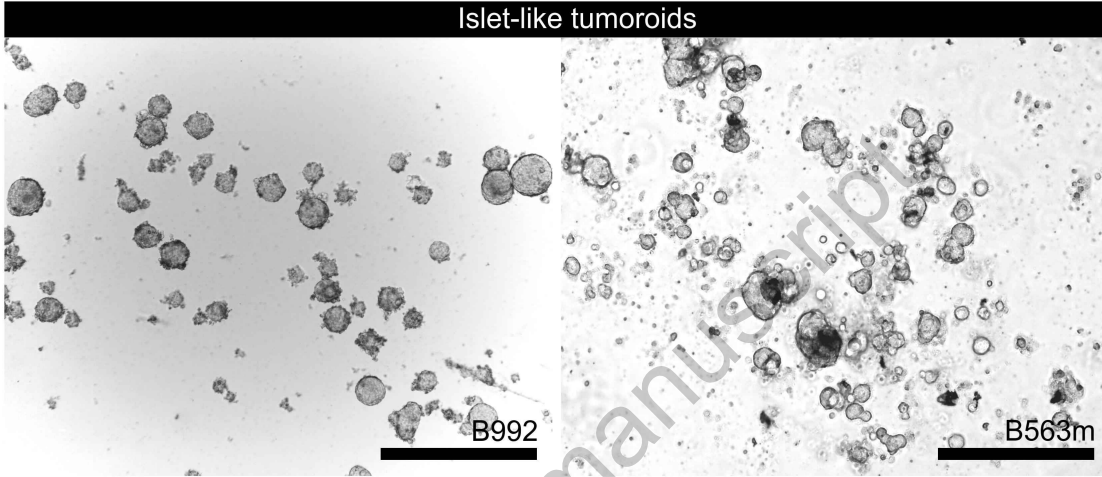
## D



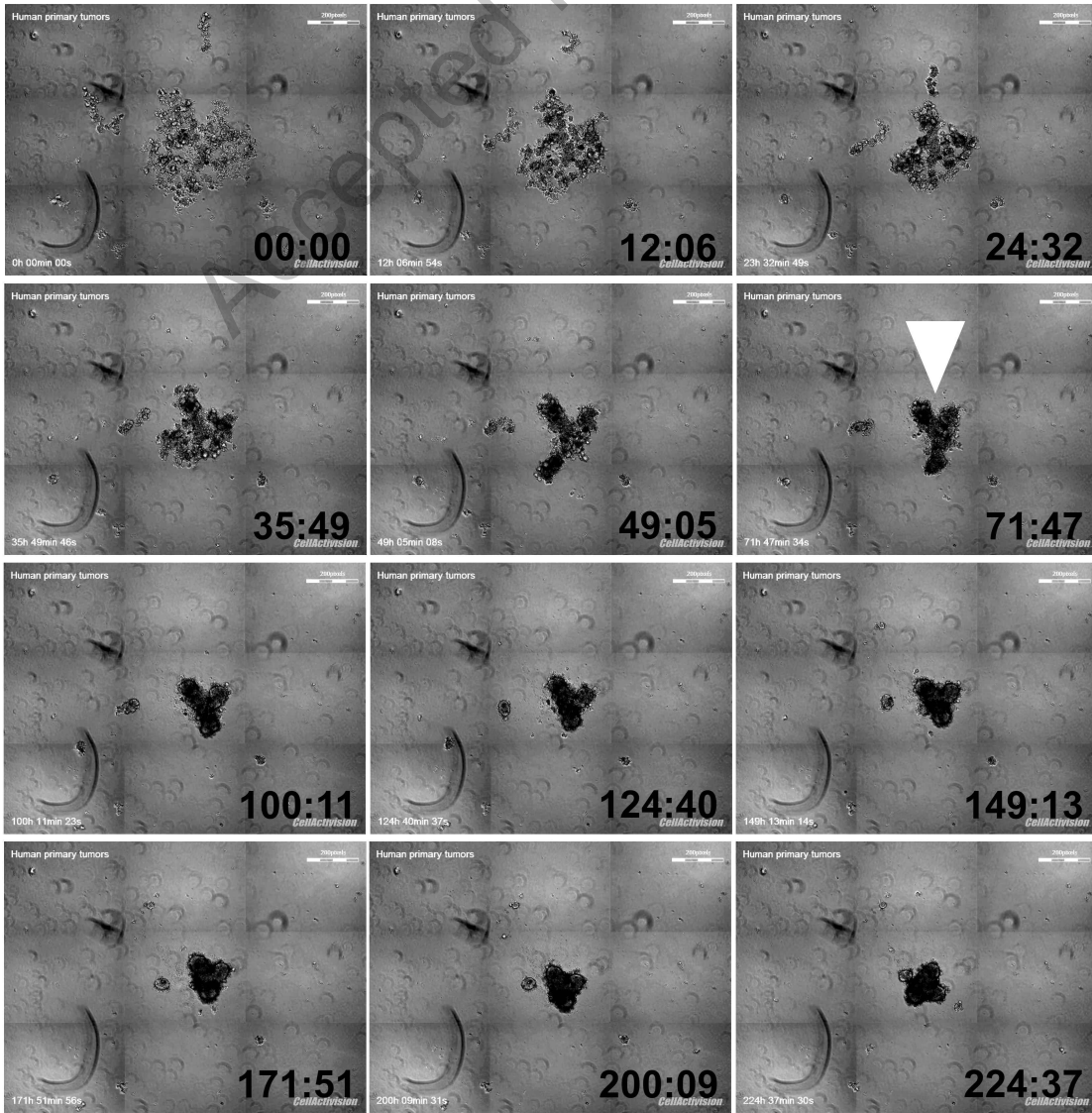
A



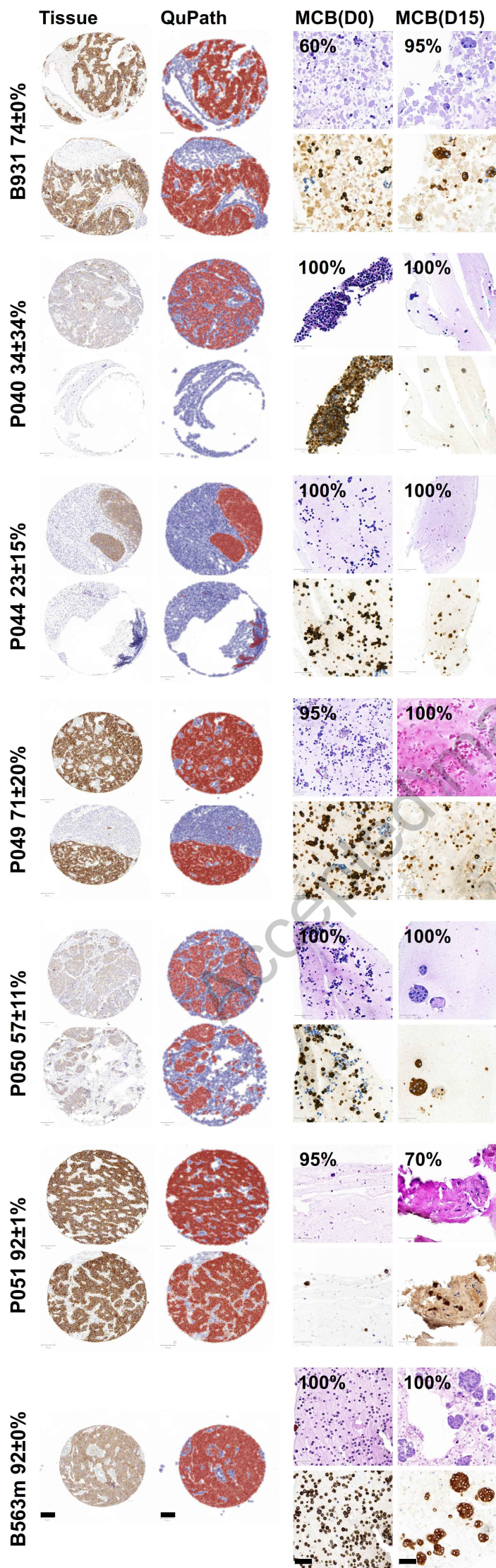
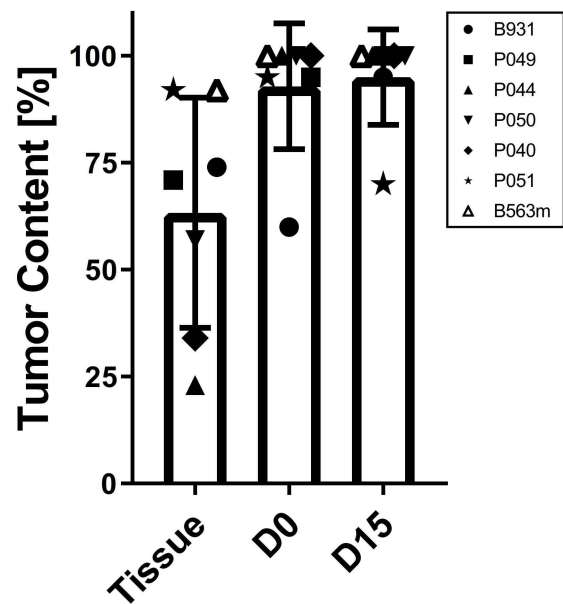
B



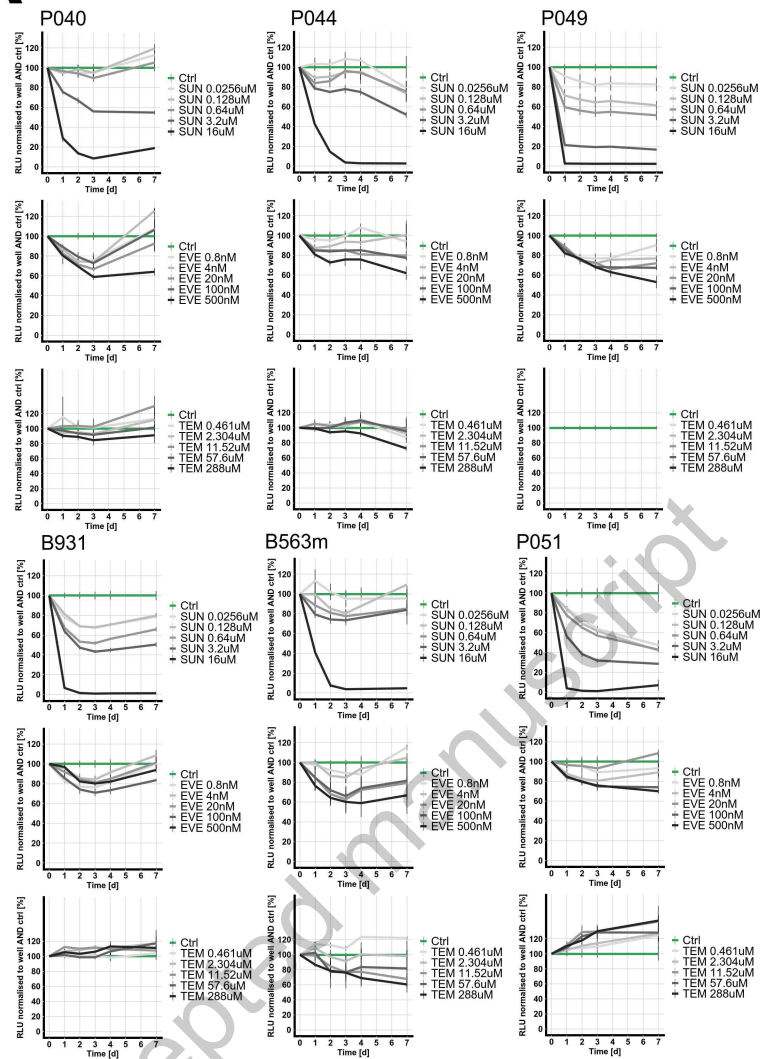
C



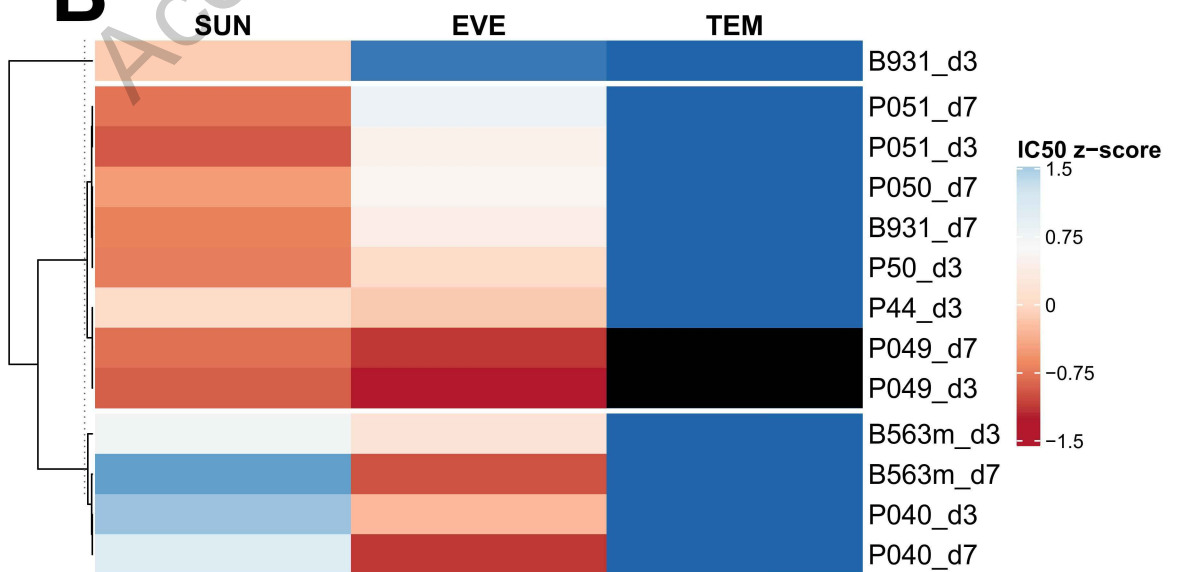


**A****B**

## A



## B



ICGC_0438	ICGC_0425	ICGC_0440	ICGC_0441	ICGC_0431	ICGC_0447	ICGC_0432
0,979367	1	0,06564761	1	1	0,69822393	0,30929375
0,98151009	0,33306263	0,05337526	0,1520669	0,10842377	0,4031942	1
1	0,7037179	0,00257583	0,3908598	0,05617141	0,75208307	0,1412417
0,32160174	0,40112482	0,01498564	0,35911356	0,22873439	0,27404382	0,11582719
0,00654691	0,00554061	1	0,00048625	7,78E-06	0,40478015	0,00128204
0,37981812	0,05217659	0,00745811	0,40554394	0,25501359	0,19054155	0,06635217
0,27178383	0,20886953	0,00673042	0,29682671	0,14702297	0,24591873	0,04427621
0,30210422	0,20006148	0,01074701	0,36700349	0,13732259	0,17806738	0,05492238
0,24096219	0,14387364	0,01285031	0,20465869	0,1426163	0,12743833	0,04077545
0,03874954	0,24077356	0,00085976	0,00998148	0,00692773	0,20602757	0,01371261
0,05333688	0,0344049	0,00167743	0,01568328	0,03104899	0,03010874	0,04696196
0,0001381	0,00025426	0,00041801	4,33E-05	0,00034237	1	3,79E-05
0,09239842	0,0752536	0,00222241	0,16781347	0,11632932	0,07737189	0,09431637
0,14863538	0,08747329	0,00906958	0,10789793	0,13811107	0,09703375	0,03196992
0,1242021	0,11016322	0,00773798	0,25314398	0,11251919	0,07368105	0,02427637
0,42118131	0,0706769	0,00294402	0,09903549	0,2045405	0,15291533	0,06082239
0,21106633	0,07447943	0,00403315	0,11388615	0,19162655	0,07856984	0,06222217
0,16638876	0,08895332	0,0056471	0,14993539	0,07398224	0,08780422	0,03413369
0,19379885	0,07917377	0,00334216	0,06340922	0,0610631	0,07670744	0,02504167
0,05551066	0,04170256	0,00115937	0,00649779	0,01670073	0,03485688	0,0664516
0,28412578	0,09168188	0,00010157	0,1342188	0,00590322	0,1181894	0,03597826
0,16487479	0,07265407	0,00336783	0,1564798	0,06987903	0,07415634	0,03369414
0,20753202	0,06698443	0,00145883	0,02537168	0,04173237	0,0957	0,01895851
0,10180449	0,04386188	0,0026734	0,06551076	0,03627008	0,08222673	0,02436271
0,05550043	0,00683468	0,00058665	0,00152204	0,00738681	0,01065058	0,01217939
0,04501514	0,03909544	0,00141233	0,12441716	0,07753818	0,08543257	0,03749447
0,00061889	0,02281137	8,56E-06	0,01916032	0	0,0005723	0,34683532
0,19633066	0,0631857	0,0031324	0,06261324	0,06224323	0,05298614	0,03393746
0,05464115	0,0796747	3,27E-05	0,16344386	0,00025159	0,02586985	0,01125972
0,02596772	0,04838165	0,00073873	0,52030934	0,02715846	0,03812577	0,01076784
0,00649577	0,03183193	0,00020342	0,38265014	0,00635453	0,00699369	0,11188557
0,073975	0,04917859	0,00190486	0,02838911	0,01023468	0,07484019	0,01377671
0,02699067	0,00432623	0,00043333	0,00095252	0,00732456	0,00655719	0,01016737
0,06868121	0,00970745	0,00104979	0,0123861	0,01059779	0,02488045	0,0072056
0,06430807	0,04611987	0,0009554	0,02958475	0,08170364	0,06575131	0,02123348
0,01422931	0,00686125	0,00021128	0,0030807	0,00548824	0,00601884	0,0139821
0,09792238	0,0212858	0,00099045	0,03042404	0,03279195	0,02754794	0,01395855
0,12208458	0,0599638	0,00228313	0,07124587	0,02502127	0,05743358	0,01883423
0,05265661	0,02009799	0,00164955	0,0089124	0,02269992	0,03633127	0,02040408
0,08649597	0,0180639	0,00093704	0,04428554	0,01818172	0,03647192	0,04007425
0,0923575	0,05575521	0,00160732	0,05326455	0,09025501	0,0488491	0,01751425
0,0398083	0,0244356	0,00064254	0,11583116	0,04471252	0,07646009	0,0136158
0,04350117	0,02917547	0,0011849	0,02696366	0,02800401	0,03448343	0,00717289
0,01756925	0,00340785	1,79E-06	0,84772661	0	0,0002231	0
0,08327366	0,03622267	0,00180715	0,04761937	0,05660196	0,04164201	0,01511239
0,16977986	0,0203902	0,00116875	0,01382487	0,03955109	0,03809667	0,00506145
0,08242972	0,02708067	0,00372471	0,03000773	0,0388482	0,02867799	0,01510585
0,02197308	0,00379494	0,00018948	0,00071273	0,00267928	0,00470449	0,00705123
0,04265211	0,05296973	0,00122823	0,01255928	0,04223555	0,12679328	0,01060431

0,06419043	0,0289288	0,00178121	0,02898527	0,04117733	0,03358618	0,01076915
0,04088752	0,03793039	0,00095071	0,01211633	0,01448313	0,05973733	0,00549577
0,07714105	0,01907335	0,00142599	0,02317356	0,02977808	0,02695139	0,0245681
0,05474344	0,02955117	0,00114198	0,02534504	0,01750477	0,04435801	0,00871788
0,04312779	0,03914098	0,00117593	0,03827401	0,02592906	0,03791237	0,0077969
0,01773804	0,01055751	0,00112349	0,02110865	0,06265043	0,01883251	0,00397956
0,03608986	0,02426483	0,00062585	0,06633673	0,0464866	0,02833849	0,02523005
0,00872069	0,00313082	0,00038324	0,00071273	0,00964072	0,00711494	0,00675688
0,00559045	0,03036329	0,00042533	0,00306738	0,00420177	0,00584909	0,00932489
0,0144339	0,01870904	0,00044285	0,01233947	0,01454019	0,01388067	0,01298655
0,06832317	0,02231043	0,00198587	0,01645596	0,03767585	0,025865	0,00857398
0,03614612	0,00081591	5,88E-05	0,00014987	0,00040721	0,01625717	0,01632902
0,01159008	0,01894053	0,00102274	0,008203	0,00453376	0,01754241	0,01780598
0,05316809	0,02377907	0,00093732	0,04309323	0,02055235	0,03875627	0,00939815
0,01971746	0,02090631	0,00047045	0,01777483	0,01218253	0,01979281	0,00465329
0,01128831	0,01452702	0,0002375	0,00329053	0,00800152	0,01249357	0,01281256
0,01927759	0,00407197	0,0004492	0,00107242	0,01049923	0,01824081	0,0008137
0,08094132	0,02512628	0,00017181	0,02471558	0,00463232	0,0724346	0,0106985
0,05998609	0,01931243	0,00165921	0,0345272	0,03137061	0,01975886	0,01310691
0,00953394	0,02090631	0,00047777	0,00547866	0,00355335	0,01099978	0,01049704
0,03653484	0,02907681	0,00068022	0,03708835	0,04975464	0,02502595	0,01048265
0,00500225	0,00491444	0,00039828	0,00102579	0,00340032	0,00402064	0,00913781
0,03670874	0,02091769	0,00061232	0,02462898	0,01971459	0,03220878	0,00777859
0,04563403	0,0194908	0,00129627	0,01425783	0,02897664	0,0251375	0,00832411
0,04487704	0,02268613	0,00053614	0,00935202	0,02173248	0,04283511	0,00393116
0,04976165	0,0206862	0,00166377	0,03204266	0,02417054	0,02784864	0,00988349
0,07048672	0,0100414	0,00059341	0,0064445	0,00353779	0,01713986	0,00752087
0,03557838	0,01653075	0,00139687	0,03073377	0,02150423	0,02303745	0,00983509
0,02061766	0,02767268	0,00036681	0,00922213	0,01267015	0,0484611	0,00220956
0,05295327	0,02049266	0,00138376	0,02182138	0,03619486	0,02735394	0,00885001
0,03947072	0,01447389	0,00126701	0,00932538	0,02368033	0,0247204	0,01042378
0,03302611	0,01735045	0,00091579	0,03155974	0,04211105	0,0237989	0,00944524
6,14E-05	0,00012523	3,73E-06	0,47314958	0	0,0001358	0,077086
0,01445947	0,03339544	0,00033245	0,00840616	0,00688882	0,01082518	0,01059385
0,02617231	0,01883427	0,00047142	0,03087365	0,01523011	0,02810569	0,01534525
0,0128074	0,06753849	0,00043443	0,00957516	0,00616778	0,00892398	0,00990181
0,01034208	0,0080187	0,00012959	0,02684376	0,00925945	0,01334717	0,02110659
0,037834	0,02144898	0,00071196	0,01529695	0,01042402	0,03489083	0,00419803
0,04842158	0,01824985	0,00103572	0,00928208	0,01121768	0,01686342	0,01247897
0,02074553	0,01254227	0,00095526	0,02967135	0,04011392	0,01552482	0,00695834
0,05163877	0,02550198	0,00141095	0,02057911	0,05005551	0,03036579	0,00782568
0,00981014	0,00975678	0,00016146	0,00273433	0,00636231	0,01262452	0,00907633
0,04041184	0,00601877	0,00063192	0,00946193	0,0079678	0,01329867	0,0099005
0,02188101	0,01758194	0,00213947	0,01131035	0,00782774	0,01555877	0,00706562
0,01722656	0,0135631	0,00055974	0,01370164	0,01152374	0,01235292	0,01145072
0,04355743	0,01443215	0,00110872	0,01962992	0,01891574	0,02889139	0,00630293
0,02749192	0,01874319	0,0006057	0,05231203	0,01450647	0,01164968	0,00778382
0,03761917	0,01351757	0,00071776	0,0232768	0,01942669	0,02074826	0,00923985
0,03927125	0,01802975	0,00139121	0,01164007	0,02346246	0,0224603	0,00548923
0,02612116	0,02538433	0,0009732	0,01750839	0,02113852	0,02643244	0,00540943

0,0072681	0,00530912	0,00040256	0,00124227	0,00489947	0,00607704	0,0043524
0,007754	0,00411751	0,00031824	0,00127891	0,02492271	0,01596132	0,00197932
0,03082164	0,01753261	0,00079173	0,01437773	0,01342231	0,01855121	0,00667054
0,00791767	0,00775685	0,00014049	0,00729045	0,04517938	0,00528164	0,00437202
0,02026474	0,01584007	0,00041898	0,02776631	0,01792236	0,02420145	0,00695311
0,01882237	0,01415891	0,0005614	0,01454426	0,01674482	0,01835236	0,00325482
0,03255043	0,01664459	0,00077682	0,04182098	0,01500446	0,01058268	0,00607138
0,02233111	0,01389706	4,53E-05	0,02719346	0,01509005	0,00559204	0,00143379
0,03519477	0,01652695	0,00115164	0,01732855	0,01844109	0,01863851	0,00670717
0,02830005	0,01327469	0,00021349	0,0186774	0,01344306	0,03144733	0,00690602
0,00884345	0,00872077	0,00097817	0,00047293	0,05743972	0,01113558	0,0267528
0,04558288	0,01108501	0,0005694	0,00960514	0,01325113	0,01792071	0,00868256
0,02424404	0,01456497	0,00043775	0,02107868	0,00993381	0,01835721	0,00556903
0,05812431	0,01231078	0,00167591	0,02153163	0,02095437	0,01985101	0,00743061
0,02223904	0,02169945	0,00050261	0,00461606	0,01144074	0,01823596	0,00369568
0,02586542	0,01081178	0,00059259	0,01835434	0,01021133	0,01783826	0,00424905
0,0128074	0,01644726	0,00031147	0,00994152	0,0082557	0,02461855	0,00448714
0,03813577	0,01125578	0,00102592	0,02049917	0,0192996	0,02150001	0,00453686
0,02304718	0,01027669	0,00066435	0,01382154	0,01336007	0,01576732	0,00597981
0,00156512	0,0016508	0,00012558	0,00061947	0,00052392	0,0014065	0,00870611
0,03320512	0,00982889	0,00098493	0,02336673	0,0116223	0,01519987	0,00667316
0,0143316	0,01385911	0,00046355	0,00529215	0,00365709	0,03795117	0,00237047
0,03574205	0,01546057	0,00093801	0,02225767	0,02281404	0,01923991	0,00518834
0,02602909	0,00850445	0,00092338	0,01828107	0,0085021	0,01162058	0,00660513
0,01246471	0,00513455	0,00024068	0,00120897	0,00412915	0,00481604	0,01950534
0,01845411	0,00431484	0,00017609	0,02044922	0,00333288	0,00662509	0,01174376
0,09977904	0,0378507	0,00132842	0,0111738	0,0160575	0,03877082	0,0001439
0,0198709	0,0113203	0,00088212	0,03303181	0,01051479	0,00777453	0,00591047
0,01875077	0,01086111	0,00040394	0,01154015	0,00686808	0,01826506	0,00373754
0,03123593	0,01980957	0,00103365	0,01091402	0,00708335	0,01839601	0,00410515
0,02788064	0,00863728	0,00076371	0,02100874	0,01213585	0,01208618	0,00714411
0,00247044	0,06309841	0,00018368	0,00231469	0,00086888	0,01326957	0,00232337
0,04034024	0,00993135	0,00098617	0,02685375	0,01758518	0,01161573	0,00619828
0,0295634	0,01191231	0,00061094	0,01581317	0,01527939	0,01425897	0,0073338
0,02290397	0,00827296	0,00084265	0,01373828	0,00853841	0,02068521	0,00429615
0,00017902	0,00038708	1,06E-05	6,66E-06	2,59E-05	0,0009409	8,37E-05
6,14E-05	0,00066032	6,76E-06	0,00618139	0	9,70E-06	0,02210998
0,00989709	0,01670152	7,99E-05	0,05161595	0,00089482	0,00646989	0,01175946
0,02117006	0,01179466	0,00046783	0,00940864	0,06495363	0,01285732	0,00326921
0,02775789	0,01436763	0,00099542	0,01007474	0,01553876	0,01833296	0,0039691
0,01984533	0,01207928	0,00018837	0,00438626	0,02717921	0,01814866	0,00276424
0,00473117	0,0033699	0,00042864	0,00010991	0,00905455	0,01205708	0,00717681
0,00482835	0,0017267	0,00010378	0,00090589	0,00475422	0,00357929	0,00157377
0,01246471	0,01187436	0,00058417	0,00428634	0,01440013	0,01584007	0,00605307
0,02438214	0,01842442	0,00026938	0,00162528	0,00537152	0,01444812	0,00543298
0,01932874	0,00978714	0,00029119	0,00707729	0,00733494	0,01848816	0,00466637
0,02096035	0,00985166	0,00050716	0,0058217	0,00976263	0,01853181	0,00679351
0,02110356	0,0133392	0,00010419	0,01093067	0,01630649	0,01904591	0,00650832
0,02053071	0,00947975	0,00051006	0,01061761	0,0138373	0,01632507	0,00285712
0,02077622	0,01674326	0,00024716	0,00606816	0,00555048	0,01879856	0,00504052

0,02458161	0,01004899	0,00081256	0,0230037	0,01262605	0,01002978	0,00754835
0,00648554	0,01610951	0,00086238	0,01336859	0,01235631	0,01549572	0,00177785
0,01113998	0,00993135	0,00071555	0,01421787	0,01384768	0,00957873	0,00370745
0,01018352	0,01153281	0,00028387	0,00392332	0,00465566	0,01573822	0,00223703
0,02022894	0,01320259	0,0004383	0,00819634	0,01034102	0,01359937	0,00513601
0,02166108	0,01055751	0,00044479	0,00888242	0,01090903	0,01608742	0,00408029
0,02947645	0,00495998	6,68E-05	0,09173172	0,00077292	0,00224555	0,01002478
0,01933385	0,00943801	0,00028567	0,01129037	0,01918289	0,01043718	0,00163657
0,03668317	0,00896364	0,00073059	0,01448764	0,01392808	0,01599527	0,00329537
0,01998343	0,00897882	0,00051006	0,01317209	0,01185314	0,01176123	0,00291337
0,02262265	0,01084593	0,00059838	0,01488397	0,01148224	0,01013648	0,00448322
0,01895024	0,00864107	0,0004739	0,00930872	0,00928798	0,01254207	0,00597457
0,01662814	0,01328607	0,00041373	0,00576175	0,00807154	0,02149516	0,00215723
0,0231239	0,01121404	0,000597	0,00860599	0,00768249	0,01905561	0,00258371
0,03586992	0,00515732	0,00054456	0,0106276	0,00858509	0,00892883	0,0046546
0,01751811	0,01130891	0,00059852	0,01452094	0,01186351	0,01638812	0,00406067
0,01063873	0,00531671	0,00058072	0,00484253	0,01559842	0,00893853	0,00349945
0,01548754	0,01467502	0,00041194	0,00520223	0,00785886	0,01946786	0,00342488
0,01233684	0,01265232	0,00014421	0,00105577	0,00384643	0,01554907	0,00312138
0,01955379	0,0088422	0,00041442	0,01550344	0,01318629	0,01246447	0,00499865
0,00928843	0,00467536	0,00020425	0,00017652	0,00321357	0,00653779	0,00051543
0,02025451	0,01127855	0,00041332	0,02187134	0,00693551	0,00777938	0,00251437
0,00515569	0,00218588	0,0003584	0,00084261	0,00275449	0,00346289	0,00436417
0,01444413	0,0113203	0,00028677	0,00722384	0,01037214	0,01069908	0,00439165
0,02677074	0,01196923	0,00090033	0,01317542	0,01434826	0,00739623	0,00299317
0,00832174	0,00567343	0,0004118	0,00253117	0,00990787	0,01249842	0,0032365
0,02814661	0,00895985	0,0007132	0,0182078	0,00901824	0,00791033	0,00519881
0,00647531	0,01174153	0,00021584	0,00654442	0,00976522	0,01741631	0,00243719
0,01560518	0,00747223	0,00033424	0,0062147	0,00641418	0,01401162	0,00286366
0,00999939	0,00991238	0,00014711	0,00080598	0,00338476	0,01275547	0,00186288
0,01980953	0,00648175	0,00055698	0,00893238	0,0129762	0,00988428	0,00459834
0,01825975	0,01273201	0,00031065	0,0196932	0,00980413	0,01463242	0,00410515
0,01761017	0,01023874	0,00029146	0,00271102	0,00561273	0,01815836	0,00321426
0,0119072	0,005848	0,00034101	0,00735039	0,00704445	0,01486037	0,0037781
0,02639224	0,00844753	0,00092228	0,01271915	0,01099722	0,00992793	0,00353085
0,01945661	0,00879666	0,00033783	0,00443288	0,01116581	0,01691676	0,00249998
0,01327796	0,01047782	0,00028663	0,01249267	0,00789258	0,03130183	0,00216508
0,02050002	0,00838302	0,00072631	0,01864409	0,01050183	0,01095613	0,00525375
0,00381051	0,00271338	0,00033162	0,00153203	0,00100894	0,01265847	0,00409207
0,00877696	0,01200718	0,00037675	0,00707063	0,00901565	0,01170303	0,00256801
0,01641843	0,00855379	0,00037965	0,01774819	0,00818826	0,01267302	0,00367082
0,00518127	0,00783654	0,00012131	0,00271102	0,00236803	0,00653779	0,00489923
0,01843877	0,00628062	0,00028512	0,00952854	0,00453117	0,01055843	0,00387229
0,01201972	0,01430312	0,00026041	0,00513229	0,01365575	0,01526292	0,00149135
0,00524776	0,0038974	0,00022301	0,00370351	0,0032032	0,00458809	0,0029173
0,01758971	0,00890292	0,00057892	0,00922213	0,01370503	0,01109678	0,0044636
0,00335018	0,01297489	0,00022108	0,0043796	0,00304499	0,00320584	0,00712972
0,00860817	0,00746085	0,00017237	0,00804647	0,00396056	0,01600497	0,0020081
0,0055393	0,01338854	0,00014242	0,02481882	0,00480869	0,00558234	0,00270799
0,02055117	0,00905472	0,00044396	0,00818968	0,00980413	0,00980668	0,00378595



0,01272045	0,01083455	0,00027849	0,00728712	0,00697442	0,01729021	0,0016902
0,02425938	0,01099393	0,00059604	0,00760351	0,009939	0,01206678	0,00204473
0,00733459	0,01075106	0,00018658	0,0034737	0,00272337	0,01905561	0,00153714
0,01354904	0,00970365	0,00040711	0,00462605	0,00910383	0,01331807	0,00264258
0,00592291	0,02190817	0,00022122	0,00015986	0,00216054	0,00443289	0,00088042
0,01430091	0,01126337	0,00028443	0,01187653	0,00833091	0,01397282	0,00284404
0,01018863	0,00997689	0,00051944	0,00735039	0,00730641	0,01653847	0,00153714
0,01217828	0,00362417	1,61E-05	0,00043629	0,00562051	0,00627589	0,00696358
0,01732886	0,00407197	0,00019334	0,03010098	0,01143555	0,01081548	0,00519619
0,01501698	0,00865246	0,00036005	0,0093387	0,01187129	0,01340537	0,00213499
0,04041696	0,00319913	0,00057575	0,00291418	0,02623771	0,00734774	0,00283488
0,01120136	0,01247775	0,000191	0,00537208	0,00614703	0,00888518	0,00337779
0,00407136	0,00772649	0,00016905	0,00381341	0,00513031	0,00799763	0,00637881
0,01196346	0,00846271	0,00017457	0,00454612	0,00640121	0,01641237	0,00206958
0,00782561	0,00895985	0,00019652	0,00200829	0,00581504	0,01428322	0,00108581
0,01548243	0,00718761	0,00017333	0,00946526	0,00152509	0,01543267	0,00245943
0,01282274	0,00707756	0,00035936	0,00747695	0,00709373	0,01758606	0,00321034
0,01584046	0,00856897	0,00031492	0,00440957	0,00773437	0,01420077	0,00231945
0,01847457	0,00806424	0,00054746	0,01281573	0,01210213	0,01219772	0,00265435
0,00805066	0,00850445	0,00025931	0,00648114	0,01277908	0,00730894	0,00279694
0,00687426	0,01061823	0,00016271	0,0054287	0,00582023	0,01431717	0,00138408
0,01950264	0,01025392	0,00036571	0,01409797	0,01163786	0,01811956	0,00390499
0,0095544	0,01015146	0,0003508	0,01165672	0,0043107	0,01218802	0,00339741
0,01834159	0,00678155	0,0003584	0,00751026	0,00772658	0,00937018	0,00288067
0,02012664	0,00798075	0,00030002	0,00599155	0,00907271	0,01328897	0,00228413
0,01166169	0,00974919	0,0003417	0,00873255	0,00471791	0,01045658	0,00456302
0,01608085	0,00011005	0,00053766	0,00207823	0,00179224	0,00576664	0,00280218
0,01745673	0,01140758	0,00025655	0,00128557	0,01140702	0,01646087	0,00281657
0,01763575	0,00514593	0,00041856	0,008596	0,00820901	0,00839048	0,00254054
0,01615758	0,00998827	0,00040504	0,00813639	0,0090753	0,01202798	0,00205388
0,01271022	0,00738115	0,00029008	0,00606149	0,00629228	0,01332292	0,00204342
0,00459307	0,00140413	0,00012696	0,00029641	0,00138503	0,00319614	0,0013239
0,01748742	0,00692956	0,00032693	0,01260924	0,01177014	0,01011708	0,0029814
0,01802447	0,0084703	0,00030071	0,00274099	0,00904418	0,01534537	0,00310045
0,00860817	0,0089181	0,00012434	0,00240795	0,00675136	0,01162058	0,00284796
0,02616719	0,00488029	0,0010186	0,02095878	0,00658277	0,00592669	0,00399918
0,00743177	0,00373042	0,00010999	0,00013988	0,00103229	0,0018624	0,00105311
0,01462826	0,00536604	0,00026759	0,01230284	0,00878221	0,01059723	0,00295393
0,01492492	0,00632237	0,00016629	0,0019117	0,00969519	0,01391947	0,0031083
0,00726298	0,0096657	0,00017747	0,0090989	0,00291271	0,00864753	0,00448453
0,0076517	0,00417064	0,00039593	0,00435295	0,00966666	0,00774543	0,00254446
0,015508	0,00523322	0,00045182	0,00640454	0,00849691	0,00634379	0,00298794
0,01445436	0,00999207	0,0003083	0,01287235	0,00872256	0,00704704	0,00346151
0,01631102	0,0048006	0,00015525	0,00932538	0,00339773	0,01240627	0,00342357
0,008066	0,00914959	0,00018175	0,00234134	0,00256256	0,02083071	0,00159209
0,01262327	0,00766198	0,00025255	0,01078746	0,00598882	0,00974363	0,00302457
0,00409694	0,00151798	0,00025738	0,00182178	0,00544155	0,0020176	0,00313969
0,02138488	0,00770372	0,00053877	0,01425117	0,00933467	0,01171273	0,00287282
0,00682823	0,0056962	0,0002629	0,00767345	0,00645568	0,00802673	0,00194792
0,02575801	0,00677396	0,00056816	0,01184656	0,00901305	0,00888033	0,00383827

0,0048795	0,00637929	6,73E-05	0,00147541	0,00261184	0,00701794	0,0024869
0,01352347	0,00505486	0,00031134	0,01336193	0,00664761	0,00616919	0,00179355
0,00218912	0,00023149	8,00E-06	0,01474409	0,03106715	0,00051895	0,00685761
0,01852572	0,00698648	0,00050675	0,01678901	0,00779402	0,00800248	0,00219779
0,03843242	0,00335852	0,00040173	0,00440624	0,00736347	0,01196493	0,00206566
0,02617231	0,00494101	0,00052538	0,01689891	0,00530149	0,00853113	0,0038422
0,01353881	0,00531671	0,00031465	0,00643118	0,00688882	0,00879303	0,0028545
0,00863374	0,00819706	0,00025834	0,0030474	0,0040254	0,01086883	0,00241102
0,00690495	0,0170924	7,31E-05	0,00128224	0,00165996	0,00903068	0,00413393
0,00918102	0,00736977	0,00037261	0,00731043	0,01373874	0,00565024	0,0026622
0,00135542	0,00193542	0,0001064	0,00016319	0,00127091	0,00092635	0,00231945
0,00353943	0,00207583	0,00015236	0,00050957	0,00493578	0,00293909	0,00161956
0,01091493	0,01035259	0,00053228	0,00617473	0,00362597	0,01214437	0,0023116
0,00904292	0,00673222	0,00024827	0,00320726	0,00608997	0,01121803	0,00281264
0,01025001	0,00925206	0,00017416	0,00269437	0,00373491	0,01186308	0,00198978
0,0229858	0,01533534	0,0004768	0,01075416	0,00674617	0,01660152	0,00184195
0,0122192	0,00628442	0,00051254	0,01147687	0,00947732	0,01296887	0,00183149
0,01621895	0,00776444	0,0001565	0,00747695	0,00851766	0,01134898	0,00316717
0,01075126	0,00694853	0,0006039	0,00737371	0,01254306	0,00614494	0,0027263
0,00069561	0,00043262	7,29E-05	0,00026644	0,00018415	0,0002813	0,00807555
0,018449	0,00608708	0,00038613	0,0091422	0,0084606	0,00809948	0,00380688
0,01099165	0,00507004	0,00022826	0,01065091	0,0052159	0,00842443	0,00242672
0,00743177	0,00723315	0,00017485	0,00358694	0,00399427	0,01181943	0,00222002
0,00313024	0,00398089	8,29E-05	0,00164193	0,00415508	0,00424374	0,00341311
0,00554953	0,00507004	0,0001202	0,00124227	0,0025055	0,00857963	0,00223834
0,00592291	0,0057	8,24E-05	0,00174185	0,0017663	0,00776968	0,0036355
0,01268464	0,00675119	0,00012379	0,00429966	0,0045571	0,01378367	0,00218994
0,01442367	0,0071193	0,00028263	0,00557857	0,00483463	0,01073788	0,00316978
0,00730901	0,00623888	9,47E-05	0,00387669	0,00734531	0,01021893	0,00097331
0,01021421	0,00744187	0,00015539	0,00598156	0,0068992	0,01537447	0,00222264
0,00776423	0,00334334	8,97E-05	0,00049957	0,0035326	0,00420979	0,00131082
0,00477209	0,00521804	9,80E-05	0,00245457	0,00067436	0,00373449	0,00058084
0,0029768	0,00574933	0,00031258	0,00110905	0,00524184	0,00628559	0,00288721
0,00289496	0,00533189	0,00019514	0,00096917	0,00160549	0,00797823	0,00119439
0,01171795	0,01243221	7,26E-05	0,00270436	0,00265593	0,02289195	0,00358317
0,00747269	0,00978714	0,00037551	0,00415312	0,00692773	0,00745443	0,00207351
0,00790744	0,00637549	0,00019362	0,0055486	0,00288418	0,00838563	0,00264127
0,01182536	0,00571897	0,00048384	0,00508899	0,01437938	0,00706159	0,00271976
0,00825525	0,00526358	0,00019348	0,00842614	0,00736606	0,00759023	0,00198193
0,01791706	0,00530153	0,00060763	0,00993153	0,0092802	0,00500519	0,00217685
0,00770797	0,00913821	0,00022177	0,00415978	0,00735309	0,00848263	0,00156331
0,01129854	0,00429207	0,00050633	0,00852606	0,00543377	0,00664934	0,00308344
0,00807112	0,0125157	0,00031534	0,0017152	0,00372972	0,00555324	0,00206566
0,00487438	0,00538881	0,00016064	0,00243126	0,00167811	0,00602369	0,00358317
0,01087401	0,00481957	0,00011634	0,00329386	0,0033277	0,01035473	0,00159078
0,01423954	0,00871697	0,00030692	0,00383673	0,00838538	0,01098038	0,00198847
0,00921171	0,00474367	0,0006264	0,00680086	0,00746722	0,00960783	0,0016732
0,00422992	0,00063755	0,00020852	6,66E-05	0,00092854	0,00318644	0,00035845
0,01056201	0,00612123	0,00013469	0,00247123	0,00274931	0,00668814	0,00159601
0,00550861	0,00781757	0,00017899	0,00443621	0,00112825	0,00775998	0,00151098



0,00269549	0,00199614	4,83E-05	0,00092921	0,00292308	0,0021631	0,00286628
0,00502271	0,01469779	7,13E-05	0,00746363	0,00189339	0,00499549	0,00165357
0,00999427	0,0089219	0,00029491	0,006641	0,00122941	0,01179518	0,00149528
0,01083821	0,004645	0,00030844	0,00619138	0,00499025	0,00606249	0,00303896
0,01269487	0,00468675	0,0003635	0,00625466	0,00468938	0,00530589	0,00277863
0,00495622	0,00525219	0,00020908	0,00266106	0,00270521	0,00711979	0,00248821
0,00937027	0,00984407	0,00011192	0,0053854	0,00496172	0,00770178	0,00237047
0,01427022	0,00579107	0,00048218	0,01064425	0,00914014	0,00826438	0,00172945
0,01676112	0,00565825	0,00031865	0,00529881	0,00585654	0,00846323	0,00186419
0,01013749	0,00667529	0,00059162	0,00401324	0,00591101	0,00702279	0,00196362
0,01125762	0,00436038	0,00035356	0,00599488	0,00471791	0,00917133	0,00435763
0,00604567	0,00148382	0,00010778	0,00194168	0,00330435	0,00428739	0,00217816
0,00321208	0,00307769	0,00014173	0,01085074	0,00260406	0,00527679	0,00409468
0,00717603	0,01336197	0,00010806	0,00110239	0,00356113	0,00768238	0,00113683
0,00750338	0,00719141	0,00021473	0,00965843	0,00567239	0,00451534	0,00196362
0,01111952	0,00600359	0,00022757	0,00497909	0,0054208	0,00830318	0,00288852
0,004189	0,00451218	0,00012075	0,00547866	0,00384125	0,00640684	0,0022475
0,01806539	0,00752916	0,00027753	0,00286755	0,00541302	0,01197948	0,0013553
0,0024909	0,00183675	0,00012683	0,00337379	0,00171702	0,00566964	0,00143118
0,01195835	0,01197682	0,00028387	0,00529215	0,00079626	0,00514099	0,00826786
0,01098142	0,00670186	0,0003152	0,00620471	0,0059525	0,00807038	0,00176346
0,00919637	0,00488788	0,00013304	0,00701068	0,00505509	0,00951083	0,00227759
0,0058155	0,00774926	0,00019928	0,00396329	0,00286861	0,01368667	0,00123495
0,00737039	0,00643242	0,00011799	0,005079	0,0058721	0,00486454	0,00164049
0,0070277	0,00751398	0,00040476	0,00242793	0,0105537	0,00547564	0,00179224
0,01228058	0,00802629	0,0003083	0,01193648	0,00811045	0,00805583	0,00185242
0,00583596	0,0039695	9,98E-05	0,0068808	0,00161587	0,00295364	0,00354785
0,01308871	0,00458808	0,00050785	0,0137849	0,00724675	0,00619344	0,00318417
0,0062656	0,0046488	0,00023502	0,00465603	0,00330954	0,00705189	0,00186943
0,00748803	0,00487649	0,000195	0,00391666	0,00306573	0,00997158	0,0015306
0,00179017	0,00136997	0,00045417	0,00407985	0,00295421	0,0022116	0,00443874
0,01023978	0,00678914	9,40E-05	0,00272434	0,00527296	0,00851173	0,00180532
0,0062656	0,00634893	0,00016257	0,00362358	0,00389571	0,01148963	0,00128204
0,01414747	0,00610985	0,00016409	0,00564185	0,00272077	0,00957388	0,00205127
0,00817853	0,0092179	0,0001794	0,00246789	0,00439629	0,01192613	0,00174776
0,00223516	0,00213275	0,00039359	0,00267105	0,00442742	0,00279359	0,00191783
0,00648554	0,00590492	0,00025186	0,00389668	0,00281933	0,00952538	0,00185896
8,70E-05	6,83E-05	2,76E-07	0	6,48E-05	7,27E-05	0,00022894
0,00101784	0,00166977	0,0004049	9,66E-05	0,00285565	0,00062565	0,00265435
0,01005565	0,00560133	0,00021115	0,0038234	0,00437295	0,00747383	0,00261772
0,01113487	0,0060719	0,00027697	0,0082796	0,00621187	0,00781818	0,00307952
0,00708396	0,00784034	0,00023433	0,00400991	0,0050525	0,00609644	0,00237832
0,00562114	0,00807942	8,43E-05	0,00235799	0,00239916	0,01213467	0,00130559
0,0079279	0,0078669	0,00016836	0,0051989	0,00309686	0,01121803	0,00211275
0,00901735	0,00550645	0,00044561	0,00526218	0,01076898	0,00579574	0,00223834
0,00950837	0,0048727	0,00037689	0,00493579	0,00474904	0,00756598	0,00239532
0,00681288	0,0066715	0,00020176	0,00289087	0,00246659	0,00804128	0,001579
0,00940096	0,00356345	0,0003428	0,00691077	0,00440408	0,00745443	0,0019296
0,00627072	0,00973022	0,0002255	0,00340043	0,00396574	0,00948658	0,00170852
0,00675662	0,00924447	9,74E-05	0,00098583	0,00092335	0,01685857	0,00102302

0,01137015	0,00657663	0,00026924	0,0034737	0,00572945	0,00949143	0,00163918
0,00665944	0,00887636	0,00015967	0,00977166	0,00881334	0,00852143	0,00127027
0,00676685	0,00673981	0,00014615	0,00129223	0,00304758	0,01200373	0,00142071
0,00887414	0,004201	0,00017692	0,00371017	0,00489169	0,00952053	0,0014037
0,01212713	0,00507763	0,00019403	0,00240462	0,00492022	0,00579574	0,00225796
0,01330353	0,00508142	0,0004176	0,00281427	0,00673061	0,00689669	0,00188905
0,00047056	0,01716829	0,00013014	2,66E-05	0,00024121	0,02261065	0,00015568
0,00795859	0,00234148	0,00037399	0,00387669	0,00824273	0,00391394	0,00191129
0,00318139	0,00332057	0,00019183	0,00438293	0,00327323	0,00314764	0,00193614
0,0154057	0,00362037	0,00037772	0,00729045	0,00369341	0,00756113	0,00265435
0,00889971	0,00347616	0,00025903	0,00801316	0,0050499	0,00568904	0,00273023
0,00444474	0,00450459	0,00016629	0,00396329	0,0015614	0,01097553	0,00077707
0,00775912	0,00972263	0,00032058	0,00452947	0,00781477	0,00919558	0,00085949
0,012255	0,005848	0,0001783	0,0073071	0,00522368	0,00865723	0,00202118
0,00901224	0,0046488	0,00013248	0,01079079	0,00692254	0,01368182	0,00117477
0,01494537	0,00509281	0,00036764	0,00793323	0,00596547	0,00623709	0,00211144
0,00268014	0,00128648	0,00010461	0,00062946	0,00089223	0,00098455	0,00215985
0,00308932	0,00325226	0,00016422	0,00111238	0,00186227	0,00278389	0,00304812
0,0039128	0,00503209	8,18E-05	0,00134219	0,00248216	0,00477239	0,0028859
0,01089959	0,00537363	0,00021736	0,00332716	0,00389312	0,00587819	0,00180794
0,00349851	0,00280446	0,00012476	0,00047959	0,00104785	0,0019109	0,00153583
0,01577908	0,00531291	0,00047653	0,00608148	0,01059779	0,00642139	0,00189167
0,00584619	0,0056962	6,96E-05	0,00226807	0,00428477	0,00625164	0,0012271
0,00852633	0,00831091	0,00010792	0,00263775	0,00108675	0,01331807	0,00094976
0,0072681	0,00346098	0,00029643	0,00252451	0,00540783	0,00704704	0,00241887
0,00680265	0,00604533	0,00013731	0,00176849	0,00328101	0,01025288	0,00135399
0,00320696	0,00363176	0,00010392	0,00302409	0,00022046	0,00223585	0,00212583
0,00496645	0,00725212	0,0001863	0,0003497	0,00031124	0,02266885	0,00047226
0,00825013	0,00459946	5,78E-05	0,00553195	0,00396056	0,00885608	0,00149266
0,00109456	0,00243255	0,00019831	0,00064612	0,00106341	0,0006984	0,0027106
0,00819387	0,00206824	0,00028029	0,0194101	0,00211385	0,00540289	0,00159078
0,00391792	0,00446285	0,00022081	0,00345372	0,00453117	0,00882698	0,00128858
0,00825525	0,00568861	0,00013373	0,00189172	0,00390349	0,00878818	0,00137885
0,00071095	0,00224281	0,00042077	0,00019317	0,00095707	0,00089725	0,00016614
0,00911965	0,00644001	0,00028332	0,00300743	0,00550899	0,00657659	0,00190606
0,00830128	0,00649314	0,00018699	0,0037468	0,0048061	0,00860873	0,00120224
0,00622468	0,00610605	0,00024951	0,00187174	0,00627672	0,00915193	0,00215069
0,00527845	0,00460326	0,00027062	0,00281094	0,00431848	0,00501004	0,0019283
0,00523242	0,00899021	6,47E-05	0,00501239	0,00407468	0,00475299	0,00498819
0,01402983	0,00542676	0,00025406	0,00573178	0,00520552	0,00731379	0,00161171
0,00579504	0,00231491	0,00010889	0,00499241	0,00807673	0,00746413	0,0007339
0,00577458	0,00700925	0,00031023	0,00558523	0,00390349	0,00748353	0,00197408
0,0037031	0,00248948	9,95E-05	0,00169522	0,00111269	0,00418069	0,0013239
0,00733459	0,00500932	0,00029712	0,00721051	0,00567239	0,00558719	0,00181056
0,00651111	0,00837163	0,00042519	0,00076934	0,00836982	0,01450632	0,00080193
0,00601498	0,00527117	9,36E-05	0,01110053	0,00293605	0,00826438	0,00198455
0,01037788	0,00800352	0,00024316	0,00226807	0,00278821	0,00987458	0,00079539
0,00639858	0,00371904	0,00018506	0,00109573	0,00120866	0,01341507	0,0014822
0,01005565	0,00627683	0,00011551	0,00204159	0,00307611	0,00775513	0,00131475
0,00930889	0,00218209	0,00049433	0,00572178	0,00812601	0,00530589	0,00211929

0,01277671	0,00473608	0,00018037	0,00791991	0,00323692	0,00756113	0,00206435
0,00511989	0,0050207	0,00025144	0,00348369	0,00493319	0,00539319	0,00200548
0,00376959	0,00242117	0,00022619	0,00243792	0,00457785	0,00608189	0,00124672
0,00271595	0,00124094	9,41E-05	5,00E-05	0,00076514	0,01951636	0,00036761
0,00626049	0,00409853	0,00035177	0,0032872	0,0106341	0,00581029	0,0013239
0,00505851	0,0074191	0,00028263	0,00295748	0,00383865	0,00496154	0,00168497
0,00628606	0,00241358	0,00016547	0,01969653	0,00391387	0,01015588	0,00148351
0,00737551	0,00678914	0,00010613	0,0035936	0,00256775	0,00906463	0,00222526
0,00516081	0,00785931	0,00012282	0,00420641	0,00277524	0,00596549	0,00219255
0,00967204	0,0069713	0,00019693	0,00516892	0,00337179	0,00825468	0,00217555
0,0027006	0,00185572	0,00013524	0,00038301	0,00230838	0,00209035	0,00087519
0,00992267	0,0042693	0,00017775	0,0022714	0,00310983	0,00543684	0,00174253
0,00881787	0,00515732	0,00016588	0,00652443	0,00405912	0,00718769	0,00149397
0,00917079	0,00727869	0,00022453	0,00570846	0,00434701	0,00777453	0,00107404
0,00475163	0,00399607	0,00025655	0,00928541	0,00398649	0,00693064	0,00212976
0,00411228	0,00451977	7,76E-05	0,0047293	0,00263518	0,00591699	0,00142594
0,01244425	0,0038974	0,00027187	0,00595825	0,00456229	0,00581029	0,00260202
0,00403044	0,00437556	0,00015153	0,00270769	0,00183114	0,00527194	0,00154107
0,0073039	0,00581384	0,00016809	0,00358361	0,00275968	0,00642139	0,00157377
0,00160604	0,00077796	2,62E-06	0,00071939	0,10492229	0,0007469	9,55E-05
0,01282274	0,00531291	0,00014076	0,00345372	0,00520034	0,00675119	0,00229721
0,00443451	0,00522183	0,00019403	0,00244458	0,001232	0,0016296	0,00434193
0,00754429	0,00374181	0,00021832	0,00424305	0,00113863	0,00792973	0,00054552
0,00498691	0,00317257	0,00019403	0,00154535	0,00497469	0,00711979	0,00131344
0,00486415	0,00244394	0,000272	0,00373015	0,0070626	0,00350169	0,00154107
0,00382585	0,00488029	0,00016795	0,00369685	0,0036545	0,00574724	0,00090135
0,00358034	0,00273615	8,71E-05	0,000393	0,00106082	0,00529619	0,00159601
0,0060917	0,00270959	0,00021087	0,00354697	0,00251847	0,00252685	0,0025981
0,0071658	0,00451598	0,00029271	0,00787661	0,00309427	0,00620799	0,00151098
0,00730901	0,00417064	0,00013676	0,00371017	0,00311501	0,00610129	0,00196623
0,0092066	0,00511558	0,00018962	0,0036369	0,00597066	0,00841958	0,00110543
0,00303818	0,00748741	7,71E-05	0,00413314	0,00402799	0,00277904	0,00301672
0,00514035	0,00163182	0,00013041	0,00083928	0,00061989	0,00161505	0,00116823
0,00550861	0,0059998	0,00027242	0,00443288	0,00601216	0,00484514	0,00107011
0,00750849	0,00455392	0,00018976	0,004686	0,00386718	0,00598489	0,0023914
0,0097283	0,00330919	0,00024647	0,00684416	0,00394499	0,00454444	0,00192306
0,02674516	0,00101704	1,30E-05	0,00010991	0,01679929	0,00754173	0,00126896
0,00480277	0,00655386	0,00021349	0,0012889	0,00178186	0,00515554	0,00115384
0,00446008	0,0078669	0,00019817	0,00256115	0,00234728	0,00566479	0,00085295
0,00942653	0,00638308	0,00025048	0,00801316	0,00443779	0,00592184	0,00160909
0,00804043	0,00388602	0,00010902	0,00252118	0,00388015	0,00739138	0,00182364
0,00667478	0,00575312	0,00011758	0,00156866	0,00084814	0,00320584	0,00060701
0,00632186	0,00228076	0,00011537	0,00120897	0,00141615	0,00579089	0,0015947
0,00862863	0,00435659	0,00018479	0,00246789	0,00503434	0,00683849	0,00129643
0,00389234	0,00588595	0,00010254	0,00461273	0,00712226	0,00565024	0,00081632
0,00674639	0,0032219	0,00013787	0,00356696	0,00275968	0,00440864	0,00193876
0,01200438	0,0032257	0,0002008	0,0026977	0,00787702	0,00731864	0,00121794
0,00383608	0,0038215	8,68E-05	0,00135551	0,0018467	0,00922468	0,00049581
0,00700213	0,00496757	0,00010833	0,00193502	0,00248734	0,00916163	0,00146388
0,00338598	0,0122918	7,96E-05	0,00016319	0,00317467	0,00409824	0,00034537

0,00598429	0,00740392	5,45E-05	0,00152537	0,00302164	0,01130048	0,00123102
0,00700724	0,00294108	0,00011799	0,00388668	0,00328101	0,00679484	0,00158293
0,0002762	0,01473195	5,80E-06	0,00290086	9,60E-05	0,0013192	0,00140632
0,00926797	0,00448562	0,00012241	0,00405321	0,00299571	0,00758053	0,00199109
0,00295634	0,00561271	9,95E-05	0,00078267	0,00389053	0,0021146	0,00200286
0,00058308	0,00343442	0,00011924	0,00131888	0,00170405	0,00246865	0,0042883
0,00656226	0,00379114	0,00017264	0,00427968	0,00434961	0,00386059	0,00195184
0,00404579	0,00513834	0,00016478	0,00781999	0,00371675	0,00548534	0,00107011
0,00484881	0,00384048	5,62E-05	0,00067276	0,00156659	0,00522344	0,00149135
0,00451123	0,00127889	8,68E-05	0,00209821	0,00166515	0,00157625	0,00179747
0,00495622	0,00579487	0,00030444	0,00517558	0,00372194	0,00668814	0,00101255
0,00470559	0,00612503	8,83E-05	0,00374014	0,0019712	0,00671724	0,00092752
0,01650538	0,00215552	0,00028277	0,0022714	0,00240953	0,00819648	0,00142202
0,00756475	0,00949873	2,90E-05	0,00197165	0,00537152	0,01076213	0,00186158
0,00867466	0,00553302	0,00013649	0,00370684	0,00374009	0,00762418	0,00093275
0,00551884	0,00355206	0,00034018	0,00083595	0,01012055	0,00423889	0,00158031
0,0038412	0,00445146	8,38E-05	0,00309403	0,00103488	0,00419524	0,00201725
0,00263922	0,00288036	6,38E-05	0,00110239	0,00178964	0,00249775	0,00125195
0,00764659	0,00448562	0,00012158	0,00409317	0,00394499	0,00580059	0,00164572
0,00309955	0,00281205	9,48E-05	0,00099582	0,00156659	0,00262869	0,00229198
0,00816318	0,00338888	0,00012213	0,00343707	0,00313836	0,00721194	0,00129512
0,00156512	0,00168875	6,29E-05	0,00019983	0,00029049	0,00349684	0,00018446
0,00669524	0,00428828	0,00031755	0,00206157	0,01011018	0,00705189	0,00121794
0,00419412	0,00121438	2,32E-05	0,01141026	0,00295421	0,00409824	0,00216116
0,00307398	0,00362796	6,87E-05	0,00167191	0,00118272	0,00470449	0,00111459
0,00596383	0,00400366	0,00030237	0,00310402	0,00360781	0,00664934	0,0012912
0,00811203	0,00250466	0,00032238	0,0014088	0,00420177	0,00455899	0,00132783
0,00849053	0,00473988	0,0002542	0,00482588	0,00298533	0,00689184	0,00111852
0,01141106	0,00312703	0,0001772	0,00447618	0,00302942	0,00487909	0,00191652
0,0071658	0,00319534	0,00038738	0,00350368	0,00413693	0,00573269	0,00244373
0,00535006	0,00496757	0,00015484	0,00199496	0,00394499	0,00645049	0,00091444
0,00532448	0,00724453	0,00023861	0,00262443	0,00501878	0,00551929	0,00177524
0,00476697	0,00443249	0,00013635	0,00220479	0,00360522	0,00564539	0,00157116
0,00732436	0,00640585	0,00012144	0,0014854	0,00275968	0,00647474	0,0013239
0,00710442	0,0042731	0,00015815	0,00235799	0,0038179	0,00515554	0,00203818
0,00823479	0,00505865	0,00025475	0,01072085	0,00649718	0,00647959	0,00136184
0,01016306	0,00420479	0,00014145	0,00461606	0,0031617	0,01059723	0,00134614
0,00392303	0,00519527	5,20E-05	0,00264441	0,00319283	0,00553384	0,00116954
0,00599452	0,004201	0,00011165	0,00347037	0,00319283	0,00648444	0,00144033
0,00592291	0,00385566	0,00012462	0,00251785	0,00261703	0,00852143	0,00171244
0,00629629	0,00503209	6,56E-05	0,00469932	0,00240175	0,00443774	0,00248167
0,0037031	0,00240599	0,00023226	0,00272434	0,00096226	0,00414674	0,0016418
0,00897643	0,00417443	0,00022922	0,00558523	0,00649199	0,00561144	0,00124672
0,00382074	0,01213621	1,02E-05	6,33E-05	0,00345997	0,0231975	0,00062663
0,00251136	0,00559753	5,24E-05	0,00040632	0,00079107	0,00540289	0,00083725
0,00604567	0,00321811	0,00019307	0,01469746	0,00273893	0,00694034	0,00155022
0,00542166	0,0036014	0,00016409	0,00603485	0,00296977	0,00586364	0,00139193
0,00682311	0,00333196	0,00020852	0,00457277	0,00434442	0,00571329	0,00102694
0,0050534	0,0053205	0,00023005	0,00203826	0,0040254	0,00452019	0,00235346
0,00224539	0,00421997	9,61E-05	0,00024979	0,00115938	0,0015714	0,00040293

0,00269549	0,00526737	0,00012517	0,00079599	0,00486316	0,00523799	0,00147042
0,00402021	0,00169634	7,08E-05	0,00045628	0,00080145	0,0018333	0,00155284
0,00149351	0,00326365	1,63E-05	0,03693182	0,00826607	0,00187695	0,00198324
0,003877	0,00333575	0,00013359	0,00104911	0,00144987	0,00614979	0,00177262
0,0010383	0,00106638	2,47E-05	0,00720385	0,00236285	0,00269659	0,00480766
0,00383097	0,00349514	9,58E-05	0,00663767	0,00891968	0,00448624	0,00126765
0,00739085	0,00371145	0,00014187	0,00573511	0,00360003	0,00330769	0,00202249
0,00771308	0,00233009	0,00019928	0,00386337	0,00497728	0,00937503	0,00137623
0,00374402	0,00263748	0,00024137	0,00354031	0,00374009	0,00362294	0,00115645
0,00447031	0,0035217	0,00011427	0,00232801	0,00104526	0,00691609	0,00092752
0,00749315	0,0039012	0,00010889	0,00126559	0,00428736	0,00428254	0,00162348
0,00411739	0,00485372	0,0001358	0,00180846	0,00242769	0,00905493	0,00060308
0,00233745	0,0022466	7,94E-05	0,00093587	0,00105822	0,00210005	0,00157508
0,00478743	0,00436418	0,0001587	0,00269104	0,00273374	0,00392364	0,00122186
0,00949302	0,00483854	0,00027532	0,00288421	0,00373491	0,00968543	0,000972
0,00663386	0,00504347	0,0001093	0,00617473	0,00273115	0,00433104	0,00136315
0,00452146	0,00606431	0,00012986	0,00190504	0,00243028	0,00430194	0,00101909
0,00126846	0,00421618	4,35E-05	0,0026211	0,00028531	0,00366659	0,00236524
0,00269549	0,00099048	0,00013097	7,99E-05	0,00099079	0,0012998	0,00072213
0,00806089	0,00476644	0,00023267	0,0034737	0,00500322	0,00454444	0,0013553
0,00613262	0,00356724	0,00011993	0,00320726	0,0038594	0,00696459	0,00083202
0,00368775	0,00091079	4,72E-05	0,0007427	0,00155362	0,00146955	0,00079277
0,00592291	0,00327883	0,00034998	0,0026211	0,00397093	0,00621284	0,00107011
0,02369164	0,00250466	0,00039	0,00531213	0,00219426	0,00371509	0,00077184
0,0016623	0,0062996	0,00024799	0,00026977	0,00594213	0,00195455	0,00092752
0,00414808	0,00292969	9,34E-05	0,00141213	0,00281933	0,00668329	0,00130428
0,0028745	0,00169634	4,62E-05	0,0001532	0,00103747	0,00168295	0,00070774
0,00264945	0,00149141	0,0001082	0,00114569	0,00381012	0,00548049	0,00037807
0,00741131	0,0047209	0,00023033	0,00095918	0,00635193	0,00797823	0,00110674
0,00749315	0,00241738	0,0002433	0,00699403	0,00314873	0,00438439	0,0016104
0,00509432	0,00463741	0,00012972	0,00298745	0,00370119	0,00334164	0,00098639
0,00152932	0,00160526	4,53E-05	0,00069607	0,0005758	0,00145015	0,00170067
0,01012726	0,00360899	0,00030954	0,00298745	0,00600438	0,00720709	0,00162741
0,00586665	0,00428828	0,00015953	0,00505569	0,00372712	0,00523314	0,0007496
0,00506363	0,0047247	8,40E-05	0,00187507	0,00133056	0,00467054	0,00099293
0,00395884	0,00379873	0,00017195	0,01020796	4,15E-05	0,00382664	0,00147173
0,00655714	0,00341544	9,67E-05	0,00272434	0,00310983	0,00488879	0,00139193
0,00348828	0,00240979	7,69E-05	0,00213818	0,00100116	0,00534954	0,00071036
0,00371844	0,00388602	0,0001093	0,00311401	0,00236803	0,00427284	0,001371
0,00691518	0,00505865	0,00021556	0,00313399	0,0039424	0,00662994	0,00172814
0,00497156	0,00398468	0,00011151	0,00124227	0,0027519	0,0022989	0,00099424
0,0069919	0,00649693	0,00011675	0,00133553	0,00127609	0,00662024	0,0013239
0,00438336	0,003146	6,36E-05	0,0022281	0,00177927	0,00642139	0,00134876
0,01156451	0,00321052	0,0002934	0,0019883	0,00452079	0,00520404	0,00096938
0,00511989	0,00311185	0,00011206	0,00251452	0,00245881	0,00356474	0,00109104
0,00391792	0,00193542	8,11E-05	0,00316397	0,00194008	0,00447169	0,00173991
0,00372356	0,00471711	1,97E-05	0,00016653	0,01866415	0,00210975	0,00015437
0,01055178	0,0035976	0,00019707	0,00651777	0,00329657	0,00432619	0,00116561
0,00072118	0,00014041	0,00012517	0,00012989	0,00274671	0,000679	0,00058215
0,00218401	0,00130166	9,49E-05	8,33E-05	0,00201011	0,00347259	0,00050104

0,00350362	0,00286897	0,00019831	0,00073604	0,00237322	0,00391394	0,00096938
0,00383608	0,00243255	0,00012517	0,00139215	0,00211904	0,00403034	0,0008451
0,00101784	0,0014231	0,00010212	0,00045295	0,00105304	0,00146955	0,0025183
0,00562114	0,00381012	0,00011096	0,00375679	0,0033251	0,00413219	0,00104264
0,00081836	0,00316118	4,72E-05	0,00244458	0,00102969	0,00316219	0,00056253
0,00588711	0,00283102	0,00016574	0,00364689	0,00210348	0,00540289	0,00111067
0,00507386	0,00327503	7,31E-05	0,00229471	0,0015588	0,00631469	0,00134876
0,00499202	0,00258815	0,00018078	0,00114236	0,00215535	0,00406429	0,00137492
0,00211752	0,0009715	0,00010281	0,00095585	0,00140578	0,00301669	0,00059785
0,00491019	0,00497516	0,00015857	0,00146875	0,00109454	0,00542229	0,00057823
0,00349339	0,00295626	0,00011675	0,00909557	0,00073661	0,00372479	0,00078492
0,00496133	0,00269061	0,00010392	0,00356363	0,00166515	0,00761448	0,00100994
0,00350362	0,00332816	8,69E-05	0,00066943	0,00351704	0,00333194	0,00177
0,00272106	0,00176844	0,00010033	0,00626132	0,00099338	0,00185755	0,00232861
0,00659295	0,00409094	0,0001979	0,00253783	0,00261703	0,00815768	0,0008137
0,00734993	0,00330919	0,00014201	0,00433297	0,00277524	0,00398669	0,00151883
0,00012787	0,00015939	4,83E-06	3,66E-05	0	0,02682044	0,00019623
0,00545235	0,00318775	0,00021722	0,00299411	0,00368563	0,00344349	0,00168235
0,00510966	0,00336231	0,00016312	0,00333382	0,00291271	0,00454929	0,00104526
0,00259831	0,00290692	0,00015691	0,00149206	0,00313317	0,00433589	0,00058869
0,00029666	0,00032257	9,94E-06	2,66E-05	5,19E-05	0,0007081	0,00035452
0,00232722	0,00260712	7,92E-05	0,00167524	0,00170405	0,00373449	0,00071951
0,00511989	0,00222763	0,00019804	0,00778336	0,00282971	0,00469964	0,00121402
0,00232722	0,00388981	9,95E-05	0,00383673	0,00352482	0,00332224	0,00091313
0,00217889	0,00270579	0,0001547	0,00229471	0,00048243	0,00526709	0,00032705
0,00347293	0,00289174	0,00010143	0,00157532	0,00910124	0,00517009	0,00099816
0,00747269	0,00355965	8,78E-05	0,00496243	0,00263518	0,00541744	0,00123102
0,00609681	0,00279307	0,00016367	0,00235133	0,00285565	0,00301669	0,00121532
0,00724764	0,00021631	0,00012393	0,00172186	0,00112307	0,00455899	0,00127027
0,0091043	0,00330919	0,00017871	0,00604484	0,00331473	0,00352109	0,00113291
0,00348828	0,00283861	5,49E-05	0,0021082	0,00080404	0,0012125	0,00066849
0,00092577	0,0006717	5,45E-05	0,00020316	0,00216832	0,00102335	0,00044087
0,00131961	0,00445146	0,00015498	0,001169	0,00537411	0,00277904	0,00075091
0,00822967	0,0060719	8,36E-05	0,00243126	0,00194008	0,00442804	0,00158555
0,00296657	0,00045539	5,00E-05	0,00010325	0,00071586	0,0009894	0,00072867
0,00566717	0,0048727	7,66E-05	0,00612144	0,00396315	0,00445229	0,00073783
0,0057132	0,00270579	0,00011813	0,00157199	0,00307611	0,00459294	0,00063579
0,00505851	0,00300939	0,00015884	0,00459608	0,00348332	0,00389454	0,00072213
0,00700724	0,00291831	3,95E-05	0,00072938	0,00138762	0,00488394	0,00076138
0,00385143	0,00249327	0,00010171	0,00283425	0,00208792	0,00579574	0,00059654
0,00308421	0,00264887	0,00011096	0,0020316	0,00112307	0,00603339	0,00074568
0,00670036	0,00259194	7,88E-05	0,00347037	0,00291011	0,00477239	0,00179878
0,00367752	0,00384048	0,00015139	0,00251119	0,00352482	0,00224555	0,00088696
0,00157024	0,00169254	6,46E-05	0,00065278	0,00091038	0,00521374	0,00048011
0,00390769	0,00161285	3,06E-05	0,0002398	0,0014784	0,00106215	0,00291207
0,00748803	0,00354447	8,75E-05	0,00141879	0,0028349	0,00609159	0,00092098
0,00341667	0,00291451	0,00019886	0,00298412	0,00309945	0,00373449	0,00121794
0,00473628	0,0033737	0,00025517	0,00449949	0,00374269	0,00255595	0,0018341
0,00460841	0,00235286	0,00014532	0,00372682	0,00314095	0,00611584	0,00083856
0,00149351	0,00792003	0,0001478	4,00E-05	0,0027519	0,00710039	0,00138801

0,0023528	0,00281205	8,34E-05	0,00295082	0,002547	0,00324949	0,00099293
0,00490507	0,00403402	0,00025972	0,00271768	0,00301905	0,00246865	0,0011957
0,01482773	0,0004478	1,23E-05	0,00109573	0,00378159	0,00134345	0,00113683
0,00052682	0,00124094	1,35E-05	0,00061281	0,00255737	0,000485	0,00108581
0,00449077	0,00288795	0,00010406	0,00190504	0,00249253	0,00428739	0,00154107
0,00328369	0,00218968	7,91E-05	0,00134885	0,00160808	0,00527194	0,00066588
0,00408159	0,00393156	0,00010806	0,00295082	0,00226688	0,00581029	0,00099424
0,00253181	0,00233768	0,00019886	0,0015287	0,00288677	0,00483544	0,00051543
0,00388212	0,00455772	3,04E-05	0,00422972	0,00083517	0,00460264	0,00083071
0,00575924	0,00278928	0,00015539	0,00258446	0,00313058	0,00342409	0,00091051
0,00438336	0,00293349	6,61E-05	0,00181179	0,00126053	0,00529619	0,00110413
0,0020766	0,00160905	0,00011744	0,00096917	0,0016029	0,00294394	0,00065541
0,00243975	0,00278928	5,00E-05	0,00099582	0,00100376	0,00223585	0,00162479
0,00198965	0,00259574	3,84E-05	0,00235133	0,00762543	0,0020855	0,00043563
0,00166742	0,00237563	7,59E-06	0,00322392	0,00084295	0,00266264	0,00040947
0,00314047	0,00244394	5,42E-05	0,00137549	0,00096744	0,00338044	0,00094583
0,00413274	0,00291451	0,00017761	0,00434962	0,00357928	0,00404004	0,00090528
0,00101273	5,69E-05	2,46E-05	0,01256261	0,00075736	0,00040255	0,00535187
0,00538586	0,00430725	0,00011868	0,00238796	0,00268187	0,00453474	0,00091836
0,00070584	0,00208342	5,38E-06	0,00289087	0,01819988	0,00071295	0,00097069
0,00497668	0,00283861	0,00010295	0,00287088	0,00213201	0,00511674	0,00111459
0,00226073	0,00308528	7,12E-05	0,0013655	0,00106341	0,00290029	0,00177
0,00348316	0,00359381	0,00013069	0,00206491	0,00289196	0,00272569	0,0010047
0,0019027	0,00101325	4,73E-05	0,00030308	0,0005343	0,00098455	0,00111982
0,00470559	0,00200373	0,00015691	0,00176183	0,00035015	0,00263839	0,00178963
0,00412251	0,00376458	2,88E-05	0,00704399	0,00257293	0,00369084	0,00137362
0,00394349	0,00298662	0,00013317	0,0023047	0,00359485	0,00548049	0,00117477
0,00198965	0,00140413	0,00011703	0,00082596	0,00928798	0,00266749	0,00067634
0,00329903	0,00231871	3,88E-05	7,33E-05	0,00037608	0,00043165	0,00109497
0,00218401	0,00324847	1,16E-05	0,00082596	0,00097263	0,00445229	0,00098508
0,0013861	0,0020265	9,22E-05	0,00062613	0,00127091	0,0021437	0,00112506
0,00023017	0,00130925	1,66E-05	0,00023647	0,0005343	0,0002716	0,00082286
0,00087974	0,00415166	2,72E-05	0,00093587	0,00405912	0,00282269	0,00087257
0,00115082	0,00144587	4,28E-05	2,33E-05	0,00025418	0,0005723	0,0006384
0,00126335	0,002702	1,73E-05	0,00021315	0,00016859	0,0024929	0,00019492
0,00690495	0,00489926	7,48E-05	0,00412315	0,0065698	0,00713434	0,00155022
0,00252158	0,00288415	0,00012186	0,00047626	0,00076254	0,0007178	0,01191513
0,00614796	0,0031498	5,31E-05	0,00613477	0,00260147	0,00523314	0,00076923
0,00201011	0,00113848	7,92E-05	0,00068608	0,00169627	0,00207095	0,00076268
0,0045675	0,00271718	9,78E-05	0,00098583	0,00108157	0,00568419	0,00092621
0,00396395	0,00277789	0,0001409	0,00221478	0,00224872	0,00327374	0,00088173
0,00382585	0,00636031	2,55E-05	0,00025312	0,00011931	0,00877848	0,0003833
0,00209194	0,00192024	9,05E-05	0,00136217	0,00095448	0,00279359	0,00078754
0,0058513	0,00216691	0,00014766	0,0029708	0,00282193	0,00376359	0,00074437
0,00246021	0,00239081	6,00E-05	0,00066943	0,00160549	0,00387029	0,00058869
0,00564671	0,00220486	6,27E-05	0,00088591	0,00220463	0,00598974	0,00123233
0,0001023	0,00015559	3,04E-06	0,0002398	8,30E-05	0,0004365	0,00594972
0,00406625	0,0020227	0,00017844	0,00366021	0,00244325	0,00280814	0,00122186
0,00210217	0,00273994	5,62E-05	0,00091589	0,00092854	0,00341439	0,00063579
6,14E-05	0,0065956	0,00047473	9,99E-06	2,07E-05	0,00391879	0,00021455

0,00355477	0,00311185	0,00015608	0,00290086	0,0016003	0,00277904	0,00083594
0,00562625	0,00138136	0,00010033	0,00135884	0,00178186	0,0020952	0,00033621
0,00106899	0,0015028	3,70E-05	0,00339044	0,00080923	0,00096515	0,00085164
0,00014833	0,000148	0,000979	0,04025898	9,86E-05	0,00041225	0,00029565
0,00614285	0,00200752	7,38E-05	0,00315731	0,00236803	0,00459294	0,00117869
0,00439871	0,002998	7,55E-05	0,00241794	0,00149915	0,00692094	0,00076923
0,00226073	0,00250466	8,13E-05	0,0012889	0,00223316	0,00262384	0,00114468
0,00400998	0,00226558	4,57E-05	0,00235799	0,00121903	0,00387029	0,00127027
0,00314559	0,00341544	6,25E-05	0,00045295	0,00179483	0,00435044	0,00054945
0,0020766	0,00215173	2,40E-05	0,00024313	0,00052133	0,00193515	0,00117084
0,00191293	0,00291072	3,46E-05	0,00213485	0,00417064	0,00226495	0,0003506
0,00192316	0,00130166	8,92E-05	0,0005895	0,0018908	0,001552	0,0007653
0,02625414	0,00013282	0,00031203	6,66E-06	0,02394489	0,00423889	3,01E-05
0,00421458	0,00218209	0,00019238	0,00174851	0,00367266	0,00313794	0,00123625
0,00514546	0,00246671	0,00014118	0,00151537	0,00202307	0,00331739	0,00082286
0,00260342	0,00279687	6,79E-05	0,00136217	0,00118272	0,00361324	0,0007169
0,0031507	0,00350652	0,00010378	0,0009825	0,00247697	0,00270144	0,00084118
0,00560579	0,00148762	1,27E-05	0,00292417	0,00185189	0,00234255	0,00204996
0,00613773	0,00207963	0,00011979	0,0020749	0,00273893	0,00303609	0,00116561
0,00083371	0,00036431	0,00022467	0,00357695	0,00875368	0,00135315	0,00137362
0,0030791	0,00106638	8,83E-06	0,00253117	0,00142393	0,00360839	0,00161433
0,00209194	0,00388602	9,59E-05	0,00056618	0,00170405	0,00297789	0,00088435
0,00297169	0,00155972	0,00015594	0,00208822	0,00204382	0,0024832	0,0008935
0,00389234	0,00207963	7,82E-05	0,00327387	0,00223057	0,00413219	0,00070774
0,00071607	0,00040606	1,15E-05	0,00947192	0,0007392	0,0009603	0,00037546
0,00457772	0,00114228	5,22E-05	0,00132221	0,00271299	0,00196425	0,00074568
0,00158047	0,00162803	0,00011634	0,00193502	0,00121903	0,00203215	0,00085164
0,00366218	0,00190126	4,40E-05	0,0021848	0,00130203	0,00403519	0,00114991
0,00200499	0,00301318	0,0001162	0,00262776	0,00206717	0,00306034	0,00058346
0,00530402	0,00165459	0,00010433	0,00260778	0,00241731	0,00210005	0,0007169
0,00138099	0,00145726	1,06E-05	0,00045961	0,00079886	0,001455	5,89E-05
0,00394349	0,00226178	1,35E-05	0,0016386	0,00011931	0,00899673	0,00057823
0,00231699	0,00297144	5,98E-05	0,00112238	0,00098301	0,0018818	0,00137362
0,00182598	0,00196198	5,45E-05	0,00036302	0,00159252	0,00212915	0,00045264
0,00420435	0,00300939	6,91E-05	0,00111238	0,00203345	0,00500519	0,00050235
0,00094623	0,00286138	2,28E-05	0,00024646	0,00044611	0,00321554	0,00041863
0,00339621	0,00182916	2,91E-05	0,00020316	0,00142653	0,00424374	0,00040816
0,00230165	0,00294487	0,00015443	0,0015287	0,00079367	0,00351139	0,00084248
0,00108945	0,00125233	5,98E-05	0,00022314	0,00182595	0,00116885	0,00120486
0,00059843	0,00058063	1,77E-05	0,00126559	0,00023862	0,00285179	0,00010073
0,00248578	0,00268682	5,16E-05	0,000776	0,00153546	0,00379754	0,00056384
0,0034627	0,00614021	2,36E-05	9,66E-05	0,0005343	0,00518949	0,00064102
0,0006905	0,00460705	5,80E-06	0,00127558	0,00939692	0,00080995	0,00151229
0,0004143	0,00023149	1,01E-05	0,00516226	0,00025418	0,0005141	0,00238878
0,0031507	0,00204547	9,91E-05	0,0008959	0,00151212	0,00252685	0,00086996
0,00012787	0,00018595	1,93E-06	3,00E-05	0,00018934	0,00169265	0,00245943
0,00638836	0,00235286	3,24E-05	0,00106576	0,00145246	0,00320584	0,00070905
0,00335018	0,00335852	5,13E-05	0,00189172	0,00069511	0,00469964	0,00063186
0,00242952	0,0034458	4,10E-05	0,00186508	0,00091816	0,00484029	0,00041601
0,00412251	0,00208342	7,29E-05	0,00595492	0,00285305	0,00375389	0,00109235



0,00227096	0,00161285	5,35E-05	0,00053954	0,00104007	0,0019982	0,00060962
0,00344224	0,00209101	6,58E-05	0,000393	0,00105044	0,0019982	0,00099424
0,00523753	0,00168875	2,39E-05	0,00219479	0,00216832	0,00590244	0,00032051
0,00209194	0,00051611	3,89E-05	7,66E-05	0,0009441	0,00110095	0,00055599
0,00028643	0,00294867	3,12E-05	0,00073271	0,00066917	0,0006693	0,00214022
0,00404067	0,00161664	0,00013897	0,00102912	0,00199973	0,00268204	0,0005102
0,00309955	0,00136997	9,80E-06	0,00122895	0,00027234	0,00201275	0,00203949
0,00337064	0,00184813	6,46E-05	0,00096917	0,00125534	0,00396244	0,00068158
0,00085417	0,00299041	2,62E-05	0,0018018	0,00100376	0,00283724	0,00087257
0,00010741	0,00043642	1,01E-05	0,0001965	0,00039943	0,00028615	0,00292122
0,00275175	0,00228455	2,93E-05	0,00059616	0,00231357	0,00439894	0,00077315
0,00106899	0,00053888	5,23E-05	0,000393	0,00041499	0,00119795	0,00152275
0,00767728	0,0019468	0,00011675	0,00323724	0,00333807	0,0018721	0,00093144
0,00323254	0,00441351	0,00021363	0,00439958	6,48E-05	0,00398184	0,00065672
0,00303818	0,00166977	5,48E-05	0,00101247	0,00108935	0,00143075	0,00153191
0,0013145	0,00107017	3,09E-05	0,00015653	0,0009052	0,0013192	0,00051805
0,00096158	0,00177603	2,83E-05	0,00186508	0,00214498	0,0022116	0,0016261
0,00483858	0,00091838	0,00011275	0,00387669	0,00229282	0,0024832	0,00058346
0,00430664	0,00149521	0,00011289	0,00186175	0,00202307	0,0024832	0,00054814
0,00322742	0,00130925	6,40E-05	0,0001532	0,0008611	0,00293909	0,00035714
0,00050125	0,00319154	5,63E-05	0,0002731	0,00048761	0,00202245	0,00054552
0,00279267	0,00212517	6,02E-05	0,00185841	0,00137206	0,00370054	0,00095237
0,00282336	0,00218968	8,43E-05	0,0012889	0,00183633	0,00438439	0,00037546
0,00228119	0,00184054	6,40E-05	0,00165192	0,00198417	0,00397699	0,00053898
0,00632698	0,00102084	8,29E-05	0,00360026	0,00164958	0,00319129	0,00053898
0,00132473	0,00293728	0,00010971	0,00087592	0,0006147	0,00315249	0,0003035
0,00118663	0,00032637	5,06E-05	0,0005029	0,00074698	0,0014065	0,00050235
0,00056263	0,00012144	2,82E-05	6,33E-05	0,00041758	0,0001649	0,00053767
0,00202545	0,00249707	2,98E-05	0,00047293	0,00105563	0,00290999	0,00035583
0,00139122	0,00031119	2,88E-05	0,00110239	0,00038387	0,00174115	0,00038069
0,00098715	0,00106638	6,38E-05	7,33E-05	0,00090001	0,0006111	0,00185373
0,00015856	0,00058442	1,66E-06	6,66E-06	3,63E-05	9,21E-05	0
0,00156001	0,00076278	0,00012779	0,00033638	0,00023084	0,0013483	0,0004788
0,00191804	0,00183675	3,93E-05	0,00087925	0,00099338	0,001746	0,00092883
0,00500737	0,00129028	1,24E-05	0,00015986	0,00010375	0,00103305	0,0006698
0,00168276	0,00109674	5,46E-05	0,00047293	0,00099598	0,00144045	0,0008451
0,00267503	0,00190506	8,50E-05	0,00108907	0,00170924	0,00236195	0,00073783
0,00047056	0,00061478	2,30E-05	0,0093387	0,00035015	0,00093605	0,00105965
0,00149351	0,00076658	1,92E-05	0,00028642	0,0006562	0,00127555	0,00021978
0,00182086	0,003146	0,00021004	0,00064612	0,00307352	0,00341924	0,00076399
0,00236814	0,0011992	3,31E-05	0,00116567	9,60E-05	0,00068385	0,00075483
0,00167253	0,00091838	2,86E-05	0,00064945	0,00172221	0,00105245	0,00092359
0,00390257	0,00403402	1,31E-05	0,00454612	0,00433664	0,00311854	0,00094322
0,00119686	0,00067929	3,70E-05	0,00053954	0,00069251	0,00107185	0,00045787
0,00153955	0,0015711	2,03E-05	0,00088924	0,00208013	0,00418069	0,00064102
0,00899178	0,00149521	5,05E-05	2,33E-05	0,00765396	0,00808978	0,00013344
0,00129404	0,00153315	3,75E-05	0,00112571	0,00099079	0,0020079	0,00054029
0,00160093	0,00126751	0,00012476	0,00044629	0,00047205	0,0011349	0,00052852
0,00086951	3,42E-05	2,51E-05	2,33E-05	0,00025678	0,0010476	0,00021978
0,00241417	0,0019506	8,49E-05	0,00084928	0,00063545	0,00360354	0,0006057

0,00137588	0,00162803	3,84E-05	0,00127891	0,00102451	0,00232315	0,0005573
0,00372867	0,00104361	7,58E-05	0,00175184	0,00106082	0,00209035	0,00070905
0,00287962	0,00199234	6,06E-05	0,00140547	0,00109713	0,00287604	0,00075222
0,00289496	0,00231112	3,06E-05	0,00310735	0,00072623	0,00242015	0,00065018
0,00177994	0,00399607	4,36E-05	0,00085594	0,00159512	0,00431164	0,0005102
0,0013503	0,0002239	4,35E-05	0,00010658	0,00019971	0,0007372	0,00075483
0,00171345	0,00279307	2,24E-05	0,0002298	0,00101154	0,00478209	0,00028388
0,00070584	0,00152936	0,00010005	0,0010924	0,00414471	0,00147925	0,0003506
0,00068538	0,00429587	1,56E-05	6,66E-06	2,59E-06	0,0002134	0,00026557
0,0013503	0,00057304	4,32E-05	5,33E-05	0,00038127	0,00061595	0,00042386
0,00186178	0,00276271	5,67E-05	0,00349702	0,00134353	0,002037	0,0007326
0,00330415	0,00038708	0,00053214	8,99E-05	0,00260406	0,00298274	0,00178439
0,00028643	0,00011005	1,02E-05	0,00149206	3,89E-05	0,0002522	0,00064233
0,00316093	0,00147244	5,38E-05	0,00255449	0,00161327	0,00256565	0,00079016
0,00198453	0,00238702	6,86E-05	0,00172519	0,00162883	0,00153745	0,00101909
0,0049153	0,00212896	8,61E-05	0,00171187	0,00177408	0,00330769	0,00048796
0,00054217	0,00066411	0,0001006	0,00052622	0,00130722	0,0005335	0,00105965
0,00146283	0,00073242	2,83E-05	0,00095252	0,00102969	0,00163445	0,00040947
0,00144748	0,00086525	5,98E-05	0,00065611	0,00050836	0,0016878	0,00033359
0,00071095	0,00060719	6,06E-05	0,00022314	0,0010271	0,00081965	0,00025772
0,00064446	0,00091838	1,71E-05	4,66E-05	0,00050577	0,0004559	0,00026426
0,00394861	0,00199234	5,13E-05	0,00078933	0,00049021	0,00416129	0,00050235
0,00134007	0,00131684	5,09E-05	0,0006994	0,00075736	0,0019109	0,00064495
0,00208171	0,00113089	4,64E-05	6,33E-05	0,00317208	0,0014938	0,00032967
0,00129404	0,0008235	4,55E-06	4,66E-05	0,00017378	0,0006984	0,00018707
0,00217378	0,00070965	6,90E-06	0,00359027	0,00175592	0,0006596	0,00047095
0,00233234	0,00144587	8,64E-05	0,00087592	0,0011101	0,00179935	0,0005416
0,00082859	0,00108535	1,60E-05	0,00023313	0,00060692	0,00117855	0,00068288
0,0008644	0,00063375	1,31E-05	6,66E-05	0,00023084	0,0019788	0,00025379
0,00124801	0,00078176	3,93E-05	0,00029641	0,0004539	0,0008051	0,0008922
0,000624	0,00672463	4,57E-05	9,33E-05	0,00038646	0,00029585	0,00069204
0,000624	0,00198855	2,37E-05	0,00109573	0,00040202	0,00224555	0,00058608
0,00112525	0,00159767	2,53E-05	0,00055619	0,00075736	0,00284694	0,00035322
0,00120709	0,00205306	5,73E-05	0,00011657	0,00351963	0,00295849	0,00024725
0,00153955	0,00136238	3,05E-05	0,00133886	0,00146024	0,0021728	0,00030481
0,00049613	0,00028462	1,56E-05	0,00016653	0,00013747	0,00041225	0,00015175
0,00047056	0,00161664	6,90E-06	9,66E-05	0,00010375	0,01268757	0,00014259
0,00272106	0,00111192	7,37E-05	0,001169	0,00113863	0,0014744	0,0009249
0,00078256	0,00121438	5,02E-05	0,00033971	0,00048502	0,00093605	0,00024987
0,00161627	0,00071345	9,36E-05	0,00088258	0,001315	0,00163445	0,00030743
0,00322742	0,00081971	2,98E-05	0,00357695	0,00018415	0,0022601	0,00052852
0,00100761	0,00144587	2,29E-05	0,00142545	0,00068992	0,0012416	0,0008935
0,00137588	0,00069068	2,55E-05	0,00249454	0,00055246	0,0014356	0,00068942
0,00185666	0,0018709	2,83E-05	0,00128557	0,00101154	0,00343379	0,00035714
0,00150886	0,00064134	2,83E-05	0,0003164	0,00057839	0,0007954	0,00030874
0,00110479	0,00146105	2,15E-05	0,00056285	0,00047724	0,00140165	0,00060047
0,00063935	0,00088043	3,26E-05	0,00029641	0,00059136	0,00097	0,0003022
0,00049102	0,00119541	7,73E-06	5,33E-05	0,00017378	0,001455	0,00019754
0,00095135	0,00088422	2,87E-05	0,00031307	0,00037608	0,001067	0,00039115
0,00031712	0,00110812	2,87E-05	2,66E-05	0,00039424	0,00824983	7,46E-05

0,00068538	0,00065273	7,49E-05	9,33E-05	0,00040462	0,00046075	0,00043171
0,00053705	0,00043642	5,41E-05	0,00158864	0,00090001	0,00021825	0,00051282
0,00038361	0,00155213	6,80E-05	2,33E-05	3,63E-05	0,0002716	0,00092098
0,0019743	0,00073242	1,86E-05	0,00209488	0,0002075	0,001164	0,00015568
0,00259319	0,00148003	7,04E-05	0,00020982	0,00116456	0,0010379	0,00049581
0,00232211	0,00167357	8,20E-05	0,00098583	0,00127091	0,0018915	0,00038723
0,00355988	0,00014421	2,48E-06	0,00037635	0,00018415	0,0015908	0,00399395
0,00099227	0,00021631	1,20E-05	0,00033638	0,0004124	0,00092635	0,00160517
0,00198965	0,00090699	3,46E-05	7,33E-05	0,00024381	0,00077115	0,0001269
0,00193339	0,00066032	4,71E-05	0,00098916	0,00021787	0,00066445	0,00056384
0,00082348	0,0003757	3,60E-05	0,00018984	0,00052392	0,00100395	0,00031528
0,00021482	0,00152177	3,24E-05	0,00014987	6,74E-05	2,91E-05	0,00084641
0,00092066	0,00220865	1,17E-05	7,66E-05	0,00088963	0,00369569	0,00023417
0,00194873	0,00095253	4,25E-05	0,00031307	0,00128647	0,0024347	0,00031789
0,00271083	0,0006755	9,11E-06	0,00018651	0,00035534	0,00134345	3,92E-05
0,00160604	0,00210999	1,55E-05	0,00045961	0,00039165	0,00183815	0,00023155
0,00132984	0,00049714	2,19E-05	5,00E-05	0,00114382	0,0008633	0,00037676
0,00128381	0,00285	7,66E-05	0,00138882	0,0010686	0,00280814	0,00018184
0,00035803	0,00047816	8,69E-06	8,33E-05	0,00032421	0,00464629	5,63E-05
0,00092577	0,00059201	5,78E-05	0,00213151	0,00145506	0,0009118	0,00033228
0,00026085	0,00013282	1,71E-05	0,00102579	0,00023343	0,00074205	3,79E-05
0,00230165	0,00198096	9,94E-06	0,00048292	0,00086888	0,00283724	0,00021716
0,00198453	0,00113089	2,65E-05	0,00020316	0,00171702	0,00226495	0,00047357
0,00171857	0,00220865	1,53E-05	0,00026311	0,00071586	0,00284694	0,00027342
0,00054217	0,00071345	1,44E-05	0,0001532	0,00017896	0,00061595	0,00039639
0,0014526	0,00147244	2,35E-05	0,00135884	0,00147581	0,00411764	0,00030612
0,0016623	0,00025047	4,33E-05	0,00055952	0,00104526	0,00078085	0,00037938
0,00095646	0,00124094	4,98E-05	0,00079266	0,00049021	0,00099425	0,00043302
0,00016367	0,00140413	9,58E-05	3,33E-05	7,52E-05	6,79E-05	0,00017792
0,00011253	0,00048955	2,10E-05	2,00E-05	0,00045649	0,0009894	0,00035714
0,006818	0,00270959	7,04E-06	0,00052622	7,78E-05	0,00465599	0,00024725
0,00067004	0,00081591	2,04E-05	0,00012989	0,00033718	0,0004268	0,00019361
0,00040918	0,00115366	3,04E-05	0,0007427	0,00046168	0,00059655	0,0003833
0,00209194	0,001351	2,80E-05	0,00189838	0,00116975	0,0007469	0,00023809
0,000312	0,0002277	1,38E-05	4,00E-05	0,00014006	0,00033465	0,000191
0,00191293	0,00066411	1,53E-05	0,00080931	0,00021009	0,0016199	0,00060439
1,53E-05	3,79E-05	1,04E-05	3,33E-05	0,00015822	1,45E-05	0
0,00093089	0,00076658	1,27E-05	0,00016986	0,00028531	0,0012901	0,00023809
0,0007621	0,00081591	2,24E-05	5,66E-05	0,00060692	0,00102335	0,00035714
0,00250624	0,00085007	3,85E-05	0,00038634	0,00066917	0,0013677	0,00023155
0,00125824	0,0008273	6,96E-05	0,00012656	0,00035793	0,00105245	0,00017922
0,00101273	0,00061099	2,39E-05	0,00081597	0,00064842	0,0016102	0,00037153
0,00141679	0,00140413	6,07E-06	0,00011657	0,00084814	0,0014453	0,00011381
0,00059331	0,00064134	1,85E-05	0,00012656	0,00027234	0,0008342	0,00016876
0,00107922	0,00194301	7,45E-06	0,00013988	0,00134353	0,0003104	0,00021455
0,00141168	0,0008235	3,08E-05	0,00023647	0,0004539	0,0006984	0,00020146
0,00122243	0,00141172	3,08E-05	0,00094253	0,00125016	0,00282754	0,00023024
0,00061377	0,00033016	2,84E-05	0,00024646	0,00040721	0,00050925	0,00013605
0,00144748	0,00134341	0,00012655	0,00311068	0,00132797	0,00137255	0,0002067
0,00077233	0,00088422	6,35E-06	0,00026977	0,00030346	0,00078085	0,00011905

0,00233234	0,00026944	0,00025876	4,00E-05	0,00011153	0,0016102	3,79E-05
0,00193339	0,00102463	5,42E-05	0,00183843	0,00144209	0,00139195	0,00046834
0,00016879	0,00019354	2,21E-06	4,33E-05	2,85E-05	0,0002619	0,00048796
0,00061889	0,00076658	2,95E-05	0,00025645	0,0005343	0,0006208	0,00032182
0,00143725	0,00154074	5,24E-06	0,00186508	0,00072364	0,0008148	0,00032313
0,00096669	0,00062996	1,24E-05	0,00063612	0,00058358	0,00145015	0,00028126
0,0013503	0,00044021	2,59E-05	5,33E-05	9,86E-05	0,00081965	0,00040162
0,00285405	0,00125992	3,51E-05	0,00044629	0,00194786	0,00195455	0,00038985
0,00079279	0,00092976	1,63E-05	0,00056951	0,00045908	0,0015132	0,00030612
0,00045522	0,00094873	4,00E-05	0,00014321	0,00026715	0,00313794	0,00016745
0,00050125	0,00081971	1,46E-05	0,00032306	0,00097004	0,0009991	0,00046703
0,00106387	0,00090699	2,94E-05	0,00034637	0,00064064	0,00094575	0,00046965
0,00051659	0,00058063	2,50E-05	0,00040965	0,00063805	0,00057715	0,00029304
9,72E-05	9,87E-05	3,38E-05	0,00017319	0,00047464	0,0002425	0,0001596
0,00029666	0,00323708	3,86E-06	0,00027643	6,22E-05	0,00116885	0,00030612
0,00136053	0,00122197	4,61E-05	0,00093587	0,0004513	0,00145015	0,00032574
0,00059843	0,00083868	1,17E-05	0,00026311	0,00029568	0,0011446	0,00029304
0,00325811	0,00063755	2,54E-05	0,00152204	0,0008196	0,00167325	0,00056384
0,00274663	0,00096391	4,77E-05	0,00021648	0,0006977	0,00238135	0,00016353
0,00139122	0,00176085	9,52E-06	0,00045961	0,0005758	0,00277904	0,00019492
0,00059331	0,00089181	2,24E-05	8,33E-05	0,00010634	0,00132405	0,00021716
0,00116105	0,00096771	1,19E-05	0,0004263	0,00034237	0,00171205	0,00021847
0,00085928	0,0005275	3,49E-05	0,00040632	0,00102451	0,0010767	0,0002224
0,00095646	0,00048196	2,36E-05	0,00035969	0,00068214	0,00097	0,00026295
0,00188735	0,00129787	3,27E-05	0,00096917	8,30E-05	0,00323979	0,00016483
0,00054217	0,00048575	6,21E-06	6,99E-05	0,00381272	0,00093605	0,00011905
0,00018413	0,00077037	4,28E-06	0,00058284	0,0002464	0,00026675	0,00054291
0,0020408	0,00030739	8,28E-07	8,99E-05	0,00032162	0,0002619	0,00048273
0,0001381	6,83E-05	3,31E-06	0,00028975	0,00014784	9,70E-05	0,00031528
0,0004859	0,00035672	1,15E-05	0,00018318	0,00062508	0,0006596	0,00018446
9,72E-05	4,93E-05	3,31E-06	4,66E-05	0,0040254	8,73E-05	4,19E-05
0,00038361	0,00055406	6,38E-05	0,00012656	0,00010375	0,0012901	0,00014521
0,00061889	0,00044021	3,17E-05	0,00054953	0,0002879	0,00041225	0,00021062
0,00074164	0,00048955	1,19E-05	0,000776	0,00026974	0,000776	0,00016876
0,0002762	0,00048955	1,46E-05	3,33E-05	0,00024121	0,00023765	0,00015568
0,00075187	0,00075899	1,39E-05	0,0001965	0,00026974	0,00085845	0,00026295
0,00029666	0,00029601	5,24E-06	0,00047626	0,00039943	0,0002328	0,00065541
0,000312	0,00033395	8,97E-06	0,00014987	0,00017637	0,00046075	0,00015306
0,00056263	0,00056924	2,46E-05	0,00047959	0,00024899	0,00048985	0,00029696
0,00064958	0,00018595	2,24E-05	7,66E-05	0,00046427	0,0004268	0,00016353
0,00063935	0,00068309	8,97E-06	0,00040299	0,00051096	0,00282269	0,00022501
0,00065981	0,00032257	2,10E-05	0,00102246	8,56E-05	0,00312824	0,0005743
0,00071095	0,00033775	6,07E-06	0,00010991	0,00064583	0,0006693	0,00075222
0,00023017	0,00045919	1,96E-05	7,66E-05	0,00081701	0,00031525	0,00026557
0,0018362	0,00025047	2,46E-05	0,00012989	0,00019453	0,0006887	0,00040685
0,00079791	0,00065652	2,32E-05	0,00052622	0,00051355	0,0010961	0,00024463
0,00169811	0,00029601	0,0004855	7,99E-05	0,00056542	0,0004947	0,00010335
0,00024551	6,83E-05	7,18E-06	6,33E-05	0,00015562	0,00047045	6,28E-05
0,00078768	0,00032257	1,28E-05	0,00014654	0,00017378	0,00056745	0,00011643
0,00251647	0,00063755	1,66E-06	2,00E-05	0,00299052	0,00222615	0,00049058

0,00126846	0,00049714	2,48E-06	0,00201828	0,0003294	0,0006014	3,92E-05
0,00063935	0,00048575	2,13E-05	0,00014654	0,00014525	0,00051895	0,0002865
2,56E-05	0,00012523	9,76E-05	9,99E-06	2,59E-05	0,00013095	0,00022894
0,00061377	0,00026565	1,57E-05	0,00010325	0,00017118	0,00054805	0,00020016
0,00085417	0,00055027	2,04E-05	0,00108574	0,00197379	0,0007178	0,0003506
0,00046545	0,00013282	6,62E-06	7,33E-05	8,82E-05	0,000291	0,00013082
0,00044499	0,00060719	1,23E-05	0,00042963	3,63E-05	0,00026675	0,00133306
0,00035803	0,00062996	1,20E-05	9,99E-06	4,93E-05	0,00039285	5,10E-05
0,00038872	0,00113469	1,59E-05	0,00026311	3,63E-05	0,0009312	0,00013344
0,00046545	0,00071345	2,06E-05	5,66E-05	0,00037608	0,0002522	0,00012166
0,00163161	0,00021252	4,69E-06	0,0005462	0,00025678	0,0004268	0,00015044
0,00024551	0,00025426	1,30E-05	1,33E-05	0,00072364	0,00183815	2,35E-05
1,53E-05	0,00020113	6,90E-07	0,00682751	0	4,85E-06	0,00031266
0,00025574	0,00071345	6,78E-05	3,66E-05	7,78E-06	0,00032495	0,00013344
0,00023017	0,00027324	8,83E-06	5,33E-05	0,000166	0,0001261	0,00016876
0,00019948	0,00035293	7,45E-06	0,00020316	0,00018156	0,0003104	0,00039639
0,00035803	0,00039847	1,50E-05	0,00014321	0,00026715	0,00046075	0,00010073
0,00057286	0,00023908	1,64E-05	6,99E-05	0,0008196	0,000388	0,00024071
0,00025574	0,00037949	1,16E-05	0,00027643	0,00015822	0,00113975	9,81E-05
0,00073141	0,00025426	2,76E-07	0,00162195	0,0043107	2,91E-05	0,00037022
0,00029666	0,00048575	6,07E-06	5,99E-05	0,0002075	0,00045105	0,00010858
0,00037849	9,87E-05	9,11E-06	2,66E-05	7,52E-05	0,0001261	2,75E-05
0,00016879	0,00055786	2,40E-05	3,33E-05	0,00045908	0,0002425	4,71E-05
0,00035292	0,00017457	0	0,00029974	8,82E-05	0,0001455	0,00034798
0,00019436	0,00034913	1,38E-07	3,33E-06	0,00110491	0,00029585	2,62E-06
1,02E-05	3,79E-05	0	0,00015986	2,59E-06	1,45E-05	2,35E-05
0,00012787	0,00048955	1,46E-05	6,33E-05	6,22E-05	0,000388	0,00010597
0,0002762	0,00010626	1,35E-05	3,33E-06	3,63E-05	0,00018915	4,19E-05
6,14E-05	0,00028083	4,66E-05	9,99E-06	0,00043055	3,39E-05	1,31E-05
0,00035292	0,00036052	1,21E-05	0,00016986	0,00010115	0,00028615	0,00014914
0,00065981	0,00018595	3,67E-05	0,00013988	0,00022565	0,0004559	0,00015829
0,0004859	0,00049714	1,28E-05	0,00035636	0,00046168	0,00074205	9,42E-05
0,00133496	0,00018595	6,90E-07	5,00E-05	0,00025159	0,00029585	3,79E-05
0,00043987	0,00030739	1,66E-05	0,00035636	0,00013747	0,00048015	0,00018446
0,00022505	0,00068309	6,35E-06	0,00114236	0,00156659	0,00016005	0,00011643
0,00021482	0,00058822	3,71E-05	0,00484253	0,00019712	0,00045105	0,00013605
5,11E-06	7,59E-06	3,04E-06	0,00113237	7,78E-06	0,00145015	1,57E-05
4,09E-05	3,42E-05	1,52E-06	1,33E-05	7,78E-06	0,0001261	1,44E-05
0,00038361	0,00045919	4,55E-06	9,99E-06	0,00031902	0,0003201	3,92E-05
0,00029666	0,00015559	1,19E-05	0,00080931	0,00227725	0,0006887	0,00016614
0,00013298	0,00054647	9,94E-06	4,33E-05	9,86E-05	0,0004171	8,76E-05
0,00018413	0,00065652	4,97E-06	5,00E-05	0,00017378	0,00065475	7,98E-05
6,14E-05	6,83E-05	4,86E-05	0,00165525	0,00013747	0,0001649	0,00013736
6,14E-05	3,79E-06	7,87E-06	3,33E-06	0,00031902	0,00014065	0,00013867
0,00051148	0,00080832	1,28E-05	3,33E-06	0,00023343	0,0005626	0,00018577
9,72E-05	0,00028842	1,52E-06	0,00037302	0	0,0021437	4,19E-05
0,00029154	0,00024288	9,38E-06	9,33E-05	0,00023862	0,00041225	4,58E-05
0,00011764	0,00079694	3,59E-06	7,33E-05	5,19E-05	0,00079055	0,00010466
0,00030177	7,59E-05	1,09E-05	6,33E-05	0,00022306	0,00026675	0,00012951
9,21E-05	9,11E-05	8,83E-06	0,00011324	8,04E-05	0,00027645	0,0002067

0,00041941	0,00020493	6,49E-06	1,67E-05	0,00025937	0,0006596	3,79E-05
0,00037338	9,49E-05	5,38E-06	4,00E-05	1,04E-05	0,00012125	0,0001269
0,00014321	7,97E-05	1,82E-05	2,66E-05	8,82E-05	0,00027645	2,49E-05
6,14E-05	0,00035672	2,25E-05	5,99E-05	2,59E-06	7,76E-05	0,00017138
0,00034269	0,00018595	7,31E-06	7,99E-05	0,00011931	0,000485	0,00010858
0,00029154	0,00034913	8,56E-06	3,00E-05	7,26E-05	0,00020855	0,0001269
0,00103319	0,00047437	1,34E-05	0,00048292	0,00031384	0,0008245	0,00026818
8,18E-05	0,00012523	3,17E-06	5,00E-05	0,00195823	0,00020855	6,93E-05
0,00015344	6,45E-05	7,31E-06	0,00012656	0,0002049	0,00043165	0,00014129
5,63E-05	0,00020113	8,28E-07	0,00205491	0,00173517	6,30E-05	0,00028388
0,00053705	0,00016698	6,76E-06	3,33E-06	0,00011153	0,0006887	4,45E-05
0,00028131	0,00018595	2,97E-05	0,00038301	0,00013487	0,0002813	6,67E-05
4,09E-05	7,59E-06	2,76E-07	0	0	0	1,31E-05
0,00015856	0,00027703	1,66E-06	9,66E-05	2,07E-05	0,00049955	6,93E-05
0,0001739	0,00088802	4,55E-06	0,00145543	5,97E-05	0,0005141	5,89E-05
0,00012787	0,00019734	6,90E-06	9,99E-05	0,00011672	0	4,19E-05
0,00139633	0,00011005	6,62E-06	3,00E-05	4,93E-05	0,00183815	0,00015175
0,0001739	0,00040985	8,28E-06	0,00066277	0,00014265	0,000194	0,00031397
0,00014321	0,00013282	1,05E-05	5,99E-05	0,00048502	0,00016005	5,23E-06
0,00032223	0,00026944	2,33E-05	0,00035969	1,56E-05	0,00091665	4,71E-05
2,05E-05	2,28E-05	8,28E-07	0,00010991	0	0,00345804	5,23E-06
0,00025062	0,00016318	1,59E-05	5,66E-05	0,00019453	0,0001649	9,68E-05
0,00025574	5,31E-05	2,70E-05	3,00E-05	6,48E-05	0,00097485	5,76E-05
0,00020971	0,0003036	7,87E-06	6,99E-05	0,00015043	0,00019885	0,00015699
9,21E-05	2,28E-05	0,0001133	0	6,48E-05	0,0010282	2,22E-05
9,72E-05	0,00060719	5,38E-06	6,33E-05	3,63E-05	0,00043165	9,29E-05
0,00022505	0,00125992	1,46E-05	0,0002731	3,37E-05	0,00021825	0,00038854
8,18E-05	0,00020113	6,76E-06	0,00268105	3,11E-05	0,0010379	3,14E-05
0,00014321	0,00026944	4,55E-06	0,0001965	2,07E-05	0,0005626	8,24E-05
0,00019436	9,87E-05	5,11E-06	0,00014654	7,00E-05	0,00079055	4,84E-05
0,00033246	0,00024667	5,52E-06	9,66E-05	3,37E-05	0,00044135	0,00016222
0,00051148	0,00017836	6,07E-06	5,99E-05	8,30E-05	0,0005044	5,76E-05
0,00048079	3,79E-05	9,66E-07	0	0	1,45E-05	0
5,11E-05	5,31E-05	1,10E-06	0	3,63E-05	1,45E-05	1,05E-05
2,05E-05	0,00149141	9,66E-07	9,99E-06	0,00140578	4,36E-05	8,11E-05
0,00011764	0,00047816	6,62E-06	5,33E-05	4,41E-05	0,0003977	5,23E-05
0,00034269	0,00033395	1,23E-05	8,66E-05	0,0001634	0,00050925	8,11E-05
0,00057797	0,00023149	1,79E-06	0,00025645	0,00169627	8,24E-05	8,37E-05
0,00019436	4,55E-05	9,66E-07	4,33E-05	0,00369859	0,0002522	3,14E-05
0,00028643	0,00031119	4,00E-06	5,99E-05	5,71E-05	0,00062565	0,00010204
2,56E-05	0,00035672	6,90E-07	2,00E-05	1,56E-05	0,0005723	8,37E-05
0,00038872	0,00017077	0,00067111	7,66E-05	9,86E-05	0,00038315	0,00018969
8,18E-05	0,00068688	3,86E-06	1,67E-05	4,41E-05	0,0004462	0,00018053
9,21E-05	7,97E-05	2,62E-06	5,00E-05	8,82E-05	0,0001067	4,58E-05
0,0001381	0,00033775	9,38E-06	3,33E-05	5,45E-05	0,0005044	3,92E-05
0,00083882	8,73E-05	0,00010033	0,0002298	0,00132278	0,00085845	1,96E-05
7,16E-05	0,00023149	8,00E-06	1,67E-05	4,93E-05	0,0003977	3,40E-05
0,00030177	0,00021631	5,24E-06	5,33E-05	8,82E-05	0,0002716	7,33E-05
0,00012276	0,00038329	4,00E-06	5,99E-05	0,00010115	0,00075175	7,98E-05
7,67E-05	3,04E-05	4,00E-05	3,33E-06	2,59E-06	0,0004074	4,97E-05

1,02E-05	1,14E-05	0	0	0	0	0,00110151
0	2,28E-05	0	0	7,78E-06	0	0
0,00013298	0,00065652	3,31E-06	2,00E-05	3,63E-05	0,00053835	6,80E-05
0,00013298	0,00013282	7,87E-06	0,00139881	5,71E-05	0,0005238	3,01E-05
0,0001381	0,00114607	8,28E-07	4,00E-05	0	0,00029585	8,50E-05
0	4,93E-05	5,11E-06	0	8,30E-05	0	0
5,11E-06	0,0001518	0	6,66E-06	0	0,0018139	1,44E-05
9,21E-05	0,00012523	6,76E-06	0,00043296	4,15E-05	0,0006984	8,37E-05
0,00015344	0,00010626	1,59E-05	0,00010325	0,00011672	0,0001164	3,53E-05
0,00023528	0,00033775	7,87E-06	5,99E-05	0,0002075	0,00060625	2,62E-05
1,53E-05	0	1,24E-06	9,99E-05	7,78E-06	2,91E-05	2,49E-05
1,53E-05	9,11E-05	2,21E-06	0	7,78E-05	1,94E-05	2,49E-05
0,00015856	0,00011385	5,24E-06	8,66E-05	7,78E-06	0,00022795	9,94E-05
1,53E-05	6,07E-05	1,10E-06	1,33E-05	5,19E-06	0,00016005	0,00021716
0,0001381	4,93E-05	9,66E-07	9,99E-06	1,82E-05	3,39E-05	8,90E-05
0,00013298	3,04E-05	2,07E-06	0,00014321	3,11E-05	9,70E-05	8,24E-05
0,00021994	6,07E-05	7,87E-06	5,33E-05	0,00019193	0,0002522	1,57E-05
3,07E-05	3,79E-06	1,24E-06	1,67E-05	1,30E-05	0,00017945	2,49E-05
7,67E-05	0,00037949	1,24E-06	0,00013988	3,89E-05	0,0003395	1,57E-05
4,60E-05	0,00023529	1,38E-06	0,0001199	5,45E-05	0,0001261	2,75E-05
0,00012276	0,00038329	1,79E-06	5,00E-05	5,71E-05	0,00042195	4,97E-05
0,00014321	0,00017836	4,14E-07	0	0	0,0022116	0,000399
5,11E-06	2,28E-05	8,14E-06	0	5,19E-06	0,0010573	0
0,00014833	6,07E-05	4,69E-06	2,00E-05	7,52E-05	5,82E-05	4,19E-05
0,00033246	2,66E-05	2,35E-06	0	0,00019193	2,91E-05	7,33E-05
0,00019948	0,00011764	1,66E-06	1,33E-05	0,00031124	0,00027645	7,06E-05
0,0001023	0,00113848	3,17E-06	0,00037635	0	0,0002231	2,35E-05
0,00023017	4,93E-05	8,56E-06	1,33E-05	4,93E-05	0,00023765	1,96E-05
0,00021482	9,87E-05	1,10E-06	3,66E-05	4,15E-05	0,0001552	8,63E-05
1,53E-05	4,17E-05	1,01E-05	0	2,07E-05	3,88E-05	6,54E-06
2,56E-05	6,45E-05	1,13E-05	0	2,07E-05	3,88E-05	6,54E-06
1,02E-05	0,00010246	4,14E-07	0,00318062	2,59E-06	4,85E-06	4,71E-05
4,60E-05	0,00013662	1,26E-05	1,33E-05	4,15E-05	3,39E-05	1,96E-05
7,67E-05	0,0002239	5,93E-06	6,66E-06	0,00010375	5,82E-05	3,79E-05
0,00022505	0,00014041	6,07E-06	3,33E-05	0,00010894	0,00011155	3,27E-05
5,11E-06	1,90E-05	2,76E-07	6,66E-06	0,0001245	1,45E-05	7,85E-06
0,00055751	6,07E-05	1,38E-05	0,00032306	0,00011153	0,000388	7,85E-05
3,07E-05	0,00010626	6,90E-07	0	0	0,00015035	3,66E-05
1,02E-05	1,90E-05	0	6,66E-06	0	4,85E-06	4,71E-05
0,00018413	9,87E-05	3,45E-06	1,33E-05	1,56E-05	0,0002231	3,79E-05
0,00011253	0,00023908	1,66E-06	0,00011657	3,63E-05	0,0002231	4,32E-05
3,58E-05	0,00011385	1,93E-06	4,00E-05	0,00040721	0,0001067	9,16E-06
4,09E-05	8,73E-05	2,21E-06	3,00E-05	2,33E-05	0,0001261	1,31E-05
4,60E-05	4,17E-05	6,20E-05	3,33E-05	8,56E-05	0,0001067	3,53E-05
0,00010741	0,00010626	2,62E-06	6,66E-05	1,04E-05	9,21E-05	2,62E-05
9,21E-05	3,04E-05	4,00E-06	9,99E-06	2,85E-05	0,00030555	1,57E-05
0,0001023	7,59E-05	8,97E-06	1,33E-05	0,00013747	0,0001067	0,00011643
6,65E-05	8,73E-05	6,49E-06	0	1,04E-05	0,0006014	3,01E-05
1,53E-05	0,00011764	3,27E-05	9,99E-06	1,04E-05	0,0001358	7,85E-06
4,09E-05	1,52E-05	2,90E-06	0,00064612	1,82E-05	2,42E-05	0,00010989

3,07E-05	0,00012144	6,90E-07	0,00020649	3,89E-05	8,73E-05	2,62E-05
0,00014321	0,00012523	9,80E-06	6,66E-06	2,59E-05	0,00035405	5,76E-05
4,09E-05	0,00028083	2,35E-06	2,66E-05	1,04E-05	0,00019885	3,40E-05
2,05E-05	1,90E-05	1,24E-06	1,67E-05	5,19E-06	1,45E-05	1,18E-05
1,02E-05	0,00025047	3,45E-06	3,33E-06	5,19E-06	0,0001649	0
0,00020459	6,07E-05	6,07E-06	0	0	0,0001067	5,63E-05
0,00012276	0,0003719	7,04E-06	9,99E-06	1,04E-05	0,0001261	2,88E-05
1,53E-05	5,69E-05	6,90E-07	1,33E-05	3,63E-05	4,85E-05	0,00019492
8,18E-05	7,21E-05	5,89E-05	0,00037635	0,00026715	2,42E-05	6,93E-05
4,09E-05	0,00028842	9,66E-07	1,33E-05	2,07E-05	0,0001552	1,83E-05
0,00019436	0,00017077	6,90E-06	5,66E-05	7,52E-05	0,0001552	0,00018577
0	1,14E-05	4,28E-06	0	7,78E-06	0,0003298	4,45E-05
2,05E-05	7,21E-05	8,28E-07	0	1,30E-05	0,0002231	9,16E-06
0,00038872	4,93E-05	1,66E-06	0,00017319	0,00011672	4,36E-05	7,98E-05
2,05E-05	3,79E-06	0	0	0	5,33E-05	0,00056122
4,09E-05	0,00012523	5,11E-06	1,33E-05	4,93E-05	1,94E-05	1,44E-05
1,02E-05	3,04E-05	6,90E-07	0	0,0001245	0	6,54E-06
4,09E-05	0,00015559	1,24E-06	3,33E-06	0,00010894	2,91E-05	8,90E-05
0,00010741	0,00012903	4,28E-06	6,99E-05	0,00011153	0,00017945	5,76E-05
6,65E-05	2,66E-05	3,17E-06	3,66E-05	3,89E-05	8,24E-05	2,49E-05
5,63E-05	6,07E-05	2,35E-06	0	8,04E-05	3,88E-05	3,92E-06
0,00013298	0,00019354	5,24E-06	0	8,30E-05	0,0005529	3,27E-05
6,65E-05	8,35E-05	1,38E-07	0	0,00062767	0,00014065	1,05E-05
0	3,04E-05	7,45E-06	0	0	1,94E-05	7,85E-06
0	0	0	0	0,00335623	0	0
1,02E-05	5,31E-05	2,48E-06	0	5,19E-06	3,88E-05	1,18E-05
4,09E-05	0,00038329	0	0	0	9,21E-05	4,45E-05
5,11E-06	0	4,14E-07	3,33E-06	3,89E-05	8,73E-05	2,62E-06
6,14E-05	0,00021631	1,24E-06	9,99E-06	1,04E-05	0,0002716	3,40E-05
9,21E-05	3,04E-05	2,21E-06	1,33E-05	1,82E-05	0,0001649	1,57E-05
0	0	1,52E-06	5,00E-05	1,04E-05	1,45E-05	1,44E-05
2,56E-05	3,42E-05	0	0	0	0	5,23E-06
0	0,00061478	3,59E-06	3,33E-05	1,82E-05	3,88E-05	2,62E-06
4,09E-05	6,07E-05	1,10E-06	6,66E-06	2,59E-05	2,42E-05	3,40E-05
3,58E-05	1,14E-05	9,66E-07	0	4,15E-05	1,94E-05	0
7,16E-05	3,79E-06	2,07E-06	0	2,59E-06	0,0001649	1,18E-05
2,05E-05	0,00015939	6,90E-07	1,67E-05	5,19E-06	0,00010185	1,18E-05
3,07E-05	0,00020872	0,00062447	2,33E-05	2,59E-06	0,0001261	3,66E-05
9,21E-05	1,52E-05	5,11E-06	0	3,11E-05	0,0001067	0
3,58E-05	1,14E-05	8,28E-07	2,33E-05	5,19E-06	5,82E-05	3,14E-05
0,00012276	7,59E-06	3,86E-06	2,66E-05	8,82E-05	0,00013095	3,66E-05
2,56E-05	5,31E-05	6,90E-07	0,00013988	1,56E-05	0,00014065	1,70E-05
2,56E-05	4,55E-05	5,52E-07	3,33E-06	2,59E-05	0,0001358	2,09E-05
2,05E-05	3,79E-05	4,69E-06	2,33E-05	1,56E-05	7,27E-05	6,67E-05
0,00012787	0	1,02E-05	0	7,78E-06	0,00015035	0
0,00013298	4,17E-05	1,38E-06	1,67E-05	7,78E-06	7,76E-05	0,00011251
6,14E-05	1,14E-05	1,38E-07	2,66E-05	4,93E-05	4,85E-05	1,96E-05
5,11E-06	1,14E-05	1,21E-05	0	2,59E-06	9,70E-06	1,31E-06
1,53E-05	3,79E-06	0	1,33E-05	0	1,45E-05	1,70E-05
9,21E-05	0,00011764	6,35E-06	2,66E-05	8,04E-05	5,33E-05	1,83E-05



0,00010741	7,59E-06	1,84E-05	0	7,78E-06	3,39E-05	3,66E-05
3,58E-05	1,14E-05	1,24E-06	0	3,11E-05	6,30E-05	5,23E-06
0,00013298	0,00011764	2,76E-07	1,67E-05	7,78E-06	0,00035405	6,54E-06
3,58E-05	0	1,38E-06	6,66E-06	3,11E-05	6,30E-05	1,70E-05
4,60E-05	1,90E-05	1,10E-06	1,67E-05	0	0,00010185	1,70E-05
0,00077745	0	0	0	0	0,00020855	1,44E-05
3,58E-05	7,59E-06	4,28E-06	0	1,04E-05	0,00023765	5,23E-06
3,07E-05	0	1,52E-06	0	0	0	5,23E-06
8,70E-05	3,79E-06	4,69E-06	1,67E-05	2,59E-06	7,76E-05	3,92E-06
1,02E-05	0	5,52E-07	0	1,82E-05	1,94E-05	4,32E-05
0	0	0	3,66E-05	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
2,05E-05	4,55E-05	3,04E-06	2,00E-05	4,93E-05	9,70E-06	0
1,02E-05	8,35E-05	1,66E-06	6,66E-06	0,00010634	7,76E-05	2,62E-06
8,70E-05	7,21E-05	1,52E-06	0	0	2,91E-05	3,92E-06
1,02E-05	0	5,38E-06	2,66E-05	1,82E-05	0,0002037	1,05E-05
0	0	4,14E-07	0	0	0	2,49E-05
5,11E-06	1,52E-05	0	6,33E-05	5,19E-06	4,85E-06	1,31E-06
4,60E-05	9,87E-05	4,28E-06	0,00015653	4,15E-05	8,24E-05	0
3,07E-05	0	1,10E-06	0	0	2,42E-05	0
5,11E-06	3,04E-05	2,76E-07	1,33E-05	0	0,00015035	0
1,53E-05	5,69E-05	2,62E-06	2,00E-05	3,89E-05	1,45E-05	2,62E-06
3,58E-05	2,28E-05	2,76E-07	0	5,19E-06	0	1,44E-05
0	0	0	0	0	0	0
1,02E-05	6,83E-05	4,14E-07	0	7,78E-06	5,33E-05	1,31E-06
0	0	0	0	0	4,36E-05	0
0	0	0	0	0	5,33E-05	0
3,58E-05	2,28E-05	8,28E-07	4,33E-05	2,59E-05	4,85E-05	0
5,11E-06	6,45E-05	1,38E-07	1,33E-05	1,82E-05	9,70E-06	3,92E-06
0	1,14E-05	5,52E-07	9,99E-06	0	4,85E-05	9,16E-06
1,02E-05	4,55E-05	6,90E-07	0	7,78E-06	6,30E-05	6,54E-06
2,05E-05	1,90E-05	4,14E-07	9,99E-06	2,59E-06	8,24E-05	2,09E-05
0	1,52E-05	0	6,66E-06	0	0	3,92E-06
4,09E-05	7,59E-06	1,38E-06	3,33E-05	7,78E-06	4,85E-06	1,31E-05
1,02E-05	3,04E-05	9,66E-07	0	1,30E-05	2,42E-05	7,85E-06
0	3,04E-05	1,24E-06	6,66E-06	0	4,85E-05	0
5,11E-06	3,79E-06	0	0	0	0,00024735	0
0	3,79E-06	0	9,99E-06	3,37E-05	0	0
0	2,28E-05	0	0	0	0	0
0	0	4,14E-07	0	1,04E-05	9,70E-06	1,31E-06
1,02E-05	3,42E-05	1,38E-07	0	0	9,70E-06	0
5,11E-06	1,14E-05	1,10E-06	1,67E-05	0	5,33E-05	0
0	1,14E-05	1,38E-07	0	0	9,70E-06	0
2,56E-05	0	0	0	0	0	0
0	0	5,52E-07	0	0	0	0
5,11E-05	6,07E-05	0	6,66E-06	0	1,45E-05	0
5,11E-06	7,59E-06	5,52E-07	3,33E-06	0	1,45E-05	5,23E-06
1,02E-05	3,42E-05	5,52E-07	0	0	2,91E-05	3,92E-06
2,56E-05	1,90E-05	0	0	2,07E-05	0	0
0	0	2,62E-06	0	0	0	0

0	7,59E-06	0	0	0	4,85E-06	2,62E-06
1,02E-05	0	2,76E-07	6,66E-06	2,59E-06	1,45E-05	2,62E-06
1,02E-05	0	1,93E-06	0	0	0	0
0	0	2,76E-07	9,99E-06	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	7,25E-05	0	0	0	0
0	1,14E-05	2,76E-07	3,33E-06	7,78E-06	0	0
0	0	4,14E-07	0	0	0	0
0	0	8,28E-07	0	0	0	0
0	7,59E-06	2,76E-07	0	2,59E-06	9,70E-06	1,31E-06
0	1,52E-05	0	0	0	4,85E-06	0
0	0	0	3,33E-06	0	4,85E-06	0
0	0	1,10E-06	3,33E-06	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
1,53E-05	0	0	3,33E-06	0	4,85E-06	3,92E-06
0	1,14E-05	0	3,33E-06	0	0	3,92E-06
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	7,59E-06	0	0	2,59E-06	0	0
0	0	5,52E-07	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	4,85E-06	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	1,90E-05	0	0	0	0	0
0	1,52E-05	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	7,59E-06	0	3,33E-06	0	0	0
0	1,14E-05	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	4,85E-06	0
0	0	0	0	0	0	0
0	7,59E-06	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	5,23E-06
0	0	2,76E-07	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0

ICGC_0433	ICGC_0449	ICGC_0434	ICGC_0452	ICGC_0435	ICGC_0453	ICGC_0436
1	0,3567427	1	0,62585138	1	0,60384119	1
0,20139449	0,09521595	0,27782163	0,15943745	0,86470088	1	0,73449655
0,11786978	0,19505458	0,69809183	0,11743449	0,12682158	0,90372334	0,33512734
0,53238471	0,14091425	0,84050327	0,10763259	0,52060419	0,21853094	0,43976331
0,0073035	1	0,0012814	0,27535476	0,00576552	0,01577894	0,00782226
0,18513748	0,06974892	0,54248572	0,06719388	0,21972507	0,26718483	0,24716311
0,18741853	0,05044078	0,54932912	0,10980516	0,11496891	0,14500854	0,15418337
0,19420479	0,06627487	0,51029296	0,08926354	0,16691815	0,11680834	0,18961983
0,16498045	0,06533765	0,28490645	0,06285598	0,23988056	0,15391181	0,14577757
0,0765057	0,35071067	0,90236316	0,13230571	0,03244892	0,09768038	0,03028593
0,64615791	0,01992826	0,06323413	0,03842185	0,25581515	0,05609279	0,22701428
0,00053794	0,54456025	0,00135568	1	0,00040105	0,00889028	0,02137377
0,32190222	0,02196478	0,0845536	0,05209454	0,11341635	0,13429428	0,18744002
0,14243374	0,04223834	0,29365337	0,0683562	0,13876955	0,06696301	0,14039073
0,14870792	0,01956183	0,12224337	0,02089647	0,11204644	0,07948391	0,11965354
0,06405561	0,02749649	0,11565068	0,03824442	0,10635637	0,2276855	0,13943103
0,11373699	0,01715184	0,08382005	0,05614275	0,13743935	0,17526233	0,20382722
0,11748702	0,03404294	0,19997214	0,04697814	0,12509431	0,07378669	0,14616338
0,12157325	0,02751059	0,08598357	0,02125857	0,06458414	0,16755483	0,16222264
0,2050359	0,02970918	0,17815126	0,05496595	0,41448607	0,0420815	0,15790159
0,04284857	0,02004101	0,01018617	0,03750575	0,04595739	0,03978095	0,16639901
0,08931269	0,0180961	0,15716607	0,04176398	0,08150745	0,07310648	0,10757775
0,13103366	0,01966753	0,03194206	0,01942637	0,09888343	0,2867547	0,09072276
0,20101173	0,02408586	0,131631	0,0338848	0,08835699	0,09807464	0,12229633
0,36317837	0,0098232	0,02258229	0,0511024	0,12428427	0,03307858	0,19216135
0,08473507	0,0302095	0,10363527	0,07216181	0,06851518	0,03963798	0,10321812
0,14599756	0,00012684	0,02436511	0,0005178	0,02704076	0,00039859	0,09118573
0,0635332	0,00870981	0,02923998	0,00938187	0,09897475	0,11243252	0,10096597
0,07136946	0,00751186	0,00285993	0,04699262	0,00322822	0,01785854	0,33870571
0,09335754	0,01808906	0,06210131	0,04092754	0,04523868	0,01550599	0,09707413
0,09966276	0,00213517	0,0355634	0,00476154	0,23030313	0,01675808	0,04939308
0,04918482	0,07465348	0,14197502	0,04593169	0,05048403	0,0620413	0,03470826
0,23531542	0,00744844	0,02112447	0,03463434	0,0955083	0,024054	0,1193449
0,04008648	0,00831519	0,03033567	0,00488466	0,0200324	0,04729349	0,04341305
0,03924855	0,02763038	0,16417661	0,01175359	0,04982489	0,09234709	0,08272689
0,18924441	0,00602499	0,02171874	0,00845491	0,0916527	0,02261995	0,07569554
0,10184036	0,00977387	0,040169	0,0114277	0,09890725	0,04551284	0,09226117
0,02962779	0,01588342	0,02410511	0,01158702	0,04677139	0,1556838	0,06962389
0,04769516	0,01302948	0,20770695	0,01713793	0,15015367	0,05293007	0,05965557
0,10475245	0,01278989	0,06388412	0,02070818	0,07210473	0,03651425	0,03490598
0,04138477	0,00574312	0,04135754	0,01235829	0,04191517	0,13896904	0,06010889
0,02522604	0,01554517	0,27436743	0,01390081	0,00102445	0,0764425	0,01323322
0,0412658	0,01275465	0,04171967	0,01475897	0,0455206	0,03939103	0,04503827
0,0002069	0,00026778	0,00032499	0,00028243	0,00017471	0,00365229	6,27E-05
0,04980552	0,0147348	0,05484934	0,00779952	0,02860524	0,06602286	0,04597867
0,02126911	0,00792057	0,04338177	0,00717671	0,01819792	0,30478654	0,05751434
0,06720046	0,00701858	0,03097637	0,00784659	0,05414903	0,06981379	0,06253949
0,19516686	0,01399488	0,01556247	0,05084531	0,07068718	0,01314912	0,07010615
0,02989159	0,03011085	0,09169414	0,04257507	0,0812573	0,02395002	0,01737101

0,04643308	0,01217682	0,04509959	0,01427739	0,03994965	0,05152634	0,05546955
0,03411748	0,04192828	0,09637402	0,01671428	0,034609	0,03785299	0,02208269
0,04066063	0,00489751	0,02344584	0,00832455	0,03867901	0,08742971	0,12492947
0,03501748	0,02287381	0,06078277	0,01659117	0,03182154	0,05112342	0,03787671
0,03585025	0,01775786	0,09798969	0,01245243	0,03201611	0,02709974	0,03691219
0,00999835	0,00416464	0,04708668	0,00250569	0,00883093	0,01533703	0,00559422
0,06277285	0,00617297	0,02992711	0,01541074	0,04001318	0,03972463	0,05493907
0,09247305	0,03845422	0,01603603	0,01222431	0,02852582	0,00819274	0,02410818
0,01762771	0,0671839	0,0090812	0,01205051	0,08008196	0,03523616	0,00501551
0,06286595	0,0116765	0,04886021	0,01512831	0,04969783	0,02005078	0,09689087
0,0302278	0,0089353	0,02170946	0,00966068	0,0545461	0,0556682	0,04018673
0,1215267	0,00288918	0,00065927	0,03657517	0,06190786	0,08618628	0,03374856
0,13140608	0,02188022	0,01927666	0,00820868	0,144408	0,01308413	0,012206
0,03180539	0,02504422	0,05131157	0,02878651	0,02410638	0,03709047	0,03759217
0,02945193	0,01388214	0,040169	0,00355939	0,01185267	0,01848241	0,02832796
0,15519417	0,0111339	0,02160732	0,0091791	0,04482175	0,01251224	0,0406497
0,01511907	0,01421333	0,03090209	0,00329144	0,01017305	0,01590458	0,024412
0,00672936	0,01062653	0,02062306	0,00479775	0,05370034	0,05795142	0,03993113
0,03606232	0,0077444	0,03077209	0,01396236	0,03388633	0,04166558	0,05550331
0,03436575	0,05702246	0,00775338	0,01882167	0,10987047	0,02440493	0,01467517
0,03672956	0,00937925	0,06940898	0,00759312	0,01894839	0,02778861	0,02816399
0,07065049	0,02125306	0,02287943	0,00856354	0,05174673	0,0097871	0,02214538
0,04435893	0,02201411	0,0633177	0,01532022	0,02507922	0,01537602	0,06592013
0,04468479	0,01478412	0,02651005	0,01060575	0,04234798	0,04004956	0,03923668
0,07675915	0,01040808	0,04267608	0,00958102	0,0184719	0,03471627	0,03885087
0,04104856	0,0162569	0,06470124	0,01193464	0,01935738	0,0260946	0,04771963
0,05916765	0,0176592	0,01903524	0,01449826	0,06967861	0,01280252	0,04354808
0,03459334	0,00670852	0,04921306	0,01014589	0,0287998	0,03179183	0,04369276
0,02469845	0,03049137	0,18539394	0,01141684	0,01126897	0,02739435	0,01355633
0,03021745	0,00515119	0,03047495	0,00802764	0,02972102	0,04931677	0,03134208
0,02980365	0,01169764	0,04743024	0,01215189	0,02692561	0,03114196	0,03769345
0,02988641	0,00553876	0,02182088	0,01197084	0,04255843	0,03402307	0,02407925
0,00090001	0,0001057	0,00017642	0,0001376	3,97E-05	5,63E-05	5,79E-05
0,04854861	0,01562974	0,05075445	0,01014589	0,09335218	0,01563163	0,02477852
0,05646763	0,00789238	0,05482149	0,0095955	0,01196385	0,01506841	0,05891289
0,02510707	0,02643243	0,01930452	0,00696308	0,04368612	0,03004151	0,01752533
0,06662115	0,00405189	0,07819305	0,00501501	0,06456429	0,01095687	0,01345506
0,01543459	0,02173224	0,05197084	0,01144943	0,02872436	0,03069571	0,01551431
0,03750026	0,00987252	0,03573054	0,0170981	0,03262363	0,0302538	0,04484054
0,0324054	0,01369892	0,05168299	0,01151461	0,02047713	0,01663677	0,03550881
0,02105704	0,00711724	0,03627838	0,00649598	0,02845832	0,04189954	0,02346195
0,09836964	0,01086612	0,01672315	0,00889666	0,03060252	0,01019002	0,03968036
0,05763143	0,00524984	0,04100469	0,00462757	0,02931203	0,01719566	0,03871584
0,04384168	0,01128188	0,05441293	0,01161599	0,02010785	0,02459556	0,02856426
0,03781578	0,01119027	0,04740239	0,00987794	0,03302865	0,01346106	0,04192287
0,02511742	0,01116913	0,0349877	0,00524313	0,01785246	0,02627657	0,02183191
0,04054683	0,00461563	0,01498677	0,00481224	0,03973126	0,01684907	0,03361353
0,02228809	0,00866753	0,03974186	0,0102509	0,02419771	0,02584332	0,04163833
0,02246395	0,0080756	0,02826501	0,00548211	0,02359019	0,04569047	0,02247814
0,01900358	0,01739143	0,0472631	0,00710792	0,01896824	0,017174	0,01811369

0,09958	0,00423511	0,01287896	0,00635476	0,04514338	0,00948383	0,03428869
0,01646391	0,00722999	0,01695529	0,01154719	0,03274672	0,01681441	0,01373477
0,02695881	0,01582704	0,03427272	0,01282539	0,02238308	0,02487717	0,03152052
0,01680012	0,01393851	0,14423139	0,02305818	0,03862739	0,00389924	0,01857184
0,03055883	0,00780077	0,03908259	0,00888942	0,01656197	0,02860745	0,03141924
0,01895186	0,0171307	0,06770974	0,00920806	0,01510868	0,01360403	0,01665726
0,03164505	0,00564446	0,01061331	0,00674582	0,02768402	0,02927465	0,02250708
0,00849833	0,0033895	0,03061424	0,00833542	0,06547756	0,00432816	0,00851189
0,02248464	0,00509481	0,02496866	0,00619906	0,01797953	0,03255435	0,02527043
0,02838123	0,01555222	0,03798691	0,01690257	0,01254358	0,02585199	0,02568517
0,01676908	0,00388982	0,09897395	0,0121881	0,01651035	0,0153197	0,03323736
0,02712433	0,00407303	0,02387298	0,00942532	0,02659604	0,02617692	0,01974373
0,02094325	0,0116624	0,0441339	0,00555815	0,01119353	0,01195335	0,01644507
0,02131566	0,00309353	0,01591532	0,00347611	0,01997284	0,03325188	0,03227767
0,01736391	0,00766689	0,03196992	0,00739397	0,02909364	0,02518045	0,01441958
0,02011566	0,00705382	0,03110637	0,00745915	0,01477514	0,01653713	0,0245181
0,01439493	0,02154902	0,07380101	0,01566783	0,01226563	0,01570095	0,01143439
0,0213467	0,0095977	0,0406797	0,00409891	0,01234901	0,02363375	0,01596763
0,01599321	0,00761051	0,0104926	0,00760399	0,02331621	0,02067032	0,02493767
0,07348499	0,00465792	0,01703886	0,00333127	0,06422678	0,00335335	0,00326008
0,02002255	0,00568674	0,02562793	0,00467826	0,01702655	0,02006811	0,0228109
0,01196388	0,02371238	0,0453503	0,00935652	0,01622446	0,03032745	0,0052711
0,01506217	0,00396733	0,01780956	0,00576092	0,01769363	0,02297088	0,01721186
0,02283636	0,00317105	0,0204002	0,00411701	0,02237117	0,01684907	0,03476613
0,02838123	0,00827291	0,01953665	0,01619287	0,04021966	0,00975677	0,03458287
0,05304347	0,00321333	0,0047356	0,00368612	0,02559938	0,01355637	0,03353154
0,00395692	0,01803268	0,00071498	0,00198428	0,00400251	0,03673087	0,00350603
0,0235812	0,00462973	0,01540462	0,00559798	0,02650868	0,02466921	0,02693905
0,01687253	0,01504485	0,06473838	0,00557988	0,00879917	0,01285451	0,01360456
0,01600873	0,01307176	0,0314685	0,0065177	0,01744348	0,02277158	0,01807993
0,00949145	0,00421397	0,00615628	0,00452618	0,01900398	0,02060967	0,02192837
0,01923117	0,02505127	0,00634198	0,00657202	0,0164905	0,01878136	0,00564244
0,01371216	0,00456631	0,01331538	0,00374406	0,02516657	0,03118528	0,03128903
0,01644322	0,00443242	0,01832026	0,00501501	0,01638726	0,02116423	0,02582503
0,02803468	0,00906919	0,02425368	0,01010968	0,01383804	0,02165813	0,01955565
0,1906358	0,00050737	0,00088212	0,00033675	0,06120107	0,00080584	0,03043543
0,00137587	0	0,00017642	3,98E-05	0,01351641	8,66E-06	0,00088736
0,04158132	0,00373479	0,01169971	0,00806384	0,01195194	0,01324443	0,01584707
0,01104318	0,00648303	0,02154232	0,00482672	0,01342508	0,01810549	0,01486808
0,01446217	0,00770917	0,02710432	0,0068291	0,01994505	0,01591758	0,01689839
0,01456562	0,01422743	0,06455267	0,00778141	0,0146441	0,01930559	0,01977749
0,0126156	0,00444651	0,03256419	0,00358474	0,03022133	0,00925421	0,05105687
0,00498107	0,00291736	0,03144993	0,01124666	0,03913565	0,00748222	0,02433484
0,0244812	0,01169764	0,0326199	0,006811	0,01396908	0,0144142	0,02014883
0,03138125	0,00906919	0,04023399	0,00459498	0,0182813	0,01551899	0,02341855
0,01596218	0,01350866	0,05332652	0,00962447	0,00940272	0,01239093	0,01418327
0,01683632	0,01227547	0,03580482	0,00855991	0,01186458	0,02893239	0,01851879
0,02223119	0,01394556	0,04350248	0,00836076	0,01703052	0,00880796	0,01770859
0,01168456	0,00769507	0,03183992	0,00510553	0,01189238	0,0099734	0,01043611
0,01254836	0,0162569	0,0394633	0,01034866	0,01023658	0,01852141	0,01835

0,02315706	0,00330494	0,01222898	0,00506932	0,01841234	0,02196141	0,0240262
0,02732605	0,01397374	0,04888806	0,00430168	0,02052477	0,00879063	0,01149708
0,01339147	0,00749776	0,02251729	0,00540969	0,01388172	0,00847002	0,01224941
0,01048456	0,02166177	0,0807187	0,01450551	0,01194797	0,01333541	0,00869515
0,01009662	0,00932288	0,01325038	0,00815799	0,01881735	0,02001178	0,01674889
0,02062773	0,0052428	0,02511723	0,00559436	0,01118161	0,01812715	0,02015365
0,00605177	0,0002255	0,00296207	0,00030778	0,02504348	0,00376494	0,01207579
0,00912937	0,0055599	0,02211802	0,0040446	0,01374671	0,02068332	0,02730074
0,00997766	0,00663101	0,0301871	0,00355939	0,00793752	0,01496876	0,01480538
0,01084145	0,00431967	0,01974094	0,00450084	0,01120544	0,01346539	0,01712506
0,01688805	0,00446061	0,01500534	0,00387803	0,03464871	0,01741662	0,01085085
0,01818116	0,00650417	0,02158875	0,00505846	0,01230533	0,01732564	0,02289771
0,01117249	0,01479117	0,02476438	0,00679651	0,00952581	0,01998146	0,01074958
0,01202077	0,01114094	0,0221273	0,00675306	0,0110069	0,01801451	0,0142122
0,01069145	0,00362204	0,0262872	0,0042872	0,01893648	0,01116483	0,00970307
0,01259491	0,00732864	0,04792237	0,00381286	0,00865225	0,00768151	0,01590976
0,01711046	0,00560923	0,02566507	0,00476879	0,01132456	0,00951415	0,01925182
0,01313285	0,01263486	0,02791216	0,00731793	0,01512853	0,01955254	0,00820324
0,02300188	0,01326202	0,0121547	0,00661185	0,01442968	0,01217864	0,02160525
0,01256388	0,00467906	0,02813501	0,00669151	0,01196385	0,01327476	0,02058768
0,00716902	0,01263486	0,05505362	0,0305137	0,00692101	0,00457078	0,05481368
0,0217605	0,00494683	0,01357538	0,00409529	0,01751495	0,01739929	0,01570239
0,02538121	0,00510186	0,01415108	0,00552918	0,04686272	0,0087473	0,02123873
0,01863634	0,00873799	0,01890524	0,00683634	0,01453689	0,01749461	0,01464624
0,00903627	0,00268482	0,00672269	0,00293297	0,0154859	0,02573501	0,01173339
0,01662943	0,01102115	0,04295464	0,00706446	0,01167796	0,00927154	0,01303067
0,01627253	0,00374184	0,01767027	0,00454067	0,01306375	0,01403728	0,01415433
0,01077421	0,01901218	0,05637216	0,00970413	0,00196552	0,00982609	0,00531933
0,01381044	0,01228252	0,02173731	0,00661547	0,00966479	0,01251224	0,01095213
0,01298285	0,02226779	0,00503273	0,00823041	0,01525163	0,0092802	0,00474544
0,01494838	0,00530622	0,01719671	0,00408081	0,01487838	0,02356876	0,02070825
0,01324147	0,00788534	0,01732671	0,00575006	0,00898976	0,01421491	0,01714435
0,01048456	0,0079558	0,01615674	0,00631855	0,01551767	0,01823546	0,00838168
0,01696046	0,00811083	0,04789452	0,005913	0,00989112	0,00870398	0,01199381
0,01315871	0,00357976	0,01570175	0,00429444	0,01290492	0,01659778	0,0187985
0,0118087	0,00703972	0,02034449	0,00376216	0,01351641	0,02050136	0,01138134
0,00886041	0,01312813	0,03533126	0,00433789	0,00237848	0,01192735	0,00746539
0,01568804	0,00458745	0,01986165	0,00542056	0,0136673	0,01312312	0,02008131
0,02557259	0,01212749	0,08748781	0,00648149	0,02004828	0,00640776	0,00662625
0,0106449	0,01110571	0,01956451	0,00518519	0,01019687	0,00761652	0,00861799
0,01418286	0,00411531	0,04209109	0,00419305	0,00660335	0,00911123	0,01478127
0,01691391	0,01135235	0,01296253	0,00883511	0,02638559	0,00665471	0,0066359
0,01093973	0,00761756	0,02651005	0,00460584	0,02372122	0,00924121	0,01300655
0,00839489	0,00530622	0,03825619	0,00419668	0,00509446	0,00939284	0,01219153
0,02888296	0,00377002	0,00675983	0,00375854	0,01966312	0,00955315	0,01980642
0,0126156	0,00408008	0,0211709	0,00429082	0,01010554	0,01476947	0,01584707
0,02404672	0,00150801	0,00658341	0,00276278	0,03571287	0,00676302	0,02341855
0,01235181	0,01656696	0,03770834	0,00813988	0,0055511	0,00924987	0,00862763
0,01995014	0,00467906	0,01582246	0,00445376	0,01400878	0,00638176	0,0113524
0,0117725	0,00467201	0,02134732	0,00558712	0,01469969	0,01368635	0,01960869

0,00898972	0,01356503	0,03649195	0,00602887	0,00897388	0,01130347	0,00787531
0,00645522	0,00619411	0,01668601	0,004356	0,00979185	0,01103919	0,01161765
0,0089173	0,02339527	0,04235108	0,01145667	0,00347837	0,01167607	0,00290321
0,01125525	0,00868867	0,02255444	0,00677479	0,01108632	0,0127072	0,00995385
0,01073283	0,01730687	0,00873764	0,0039939	0,00359749	0,01661511	0,00357837
0,01213457	0,0086182	0,02606435	0,00563781	0,00801693	0,01304947	0,01385051
0,00858627	0,01077451	0,03699336	0,00452256	0,00477681	0,01707435	0,00679504
0,07518673	0,00116976	0,02015878	0,00178875	0,03409678	0,01002539	0,01703825
0,01356216	0,00262845	0,01989879	0,0022305	0,00974818	0,01289783	0,01473305
0,00812592	0,00381935	0,02651934	0,00374768	0,005293	0,01388997	0,01154048
0,00436038	0,00499616	0,02129161	0,00113336	0,00416134	0,02150649	0,02826526
0,00746902	0,00713838	0,00452203	0,0057392	0,01288903	0,00736957	0,01643542
0,04075373	0,00498207	0,00550629	0,00173081	0,02780315	0,00902025	0,00864692
0,01740012	0,00460859	0,03738335	0,00335662	0,01060983	0,01111284	0,01087496
0,01027766	0,01317041	0,05249083	0,00578265	0,00422884	0,00954881	0,00695901
0,00272071	0,01162012	0,00181067	0,01286522	0,00420105	0,01259022	0,00610059
0,01010179	0,01109162	0,01913738	0,00577179	0,00832665	0,01972584	0,00915812
0,00891213	0,00682127	0,01659316	0,00474344	0,00660335	0,0180405	0,01072546
0,01269836	0,00537669	0,0217466	0,00624251	0,00701233	0,01497743	0,00758113
0,01435872	0,00584177	0,02373369	0,00502587	0,00950199	0,0080931	0,01228316
0,01580183	0,01662333	0,04511816	0,00644166	0,00213626	0,00691033	0,0063369
0,00728798	0,00575721	0,00604485	0,00341455	0,00782634	0,02119022	0,02198141
0,00894834	0,01566497	0,02585078	0,01160875	0,00860857	0,01165874	0,00928351
0,01001904	0,00660282	0,01608246	0,00434876	0,01091955	0,01142045	0,01446298
0,00939834	0,00615183	0,02273086	0,00404098	0,009637	0,01174972	0,00845884
0,00737591	0,00717361	0,01314824	0,004356	0,0109116	0,01337007	0,01741923
0,03487265	0,00083152	0,02859	0,00295469	0,00619039	0,01144211	0,01408682
0,01352078	0,00688469	0,02122661	0,00373319	0,01357597	0,01135546	0,00823218
0,00821902	0,00507367	0,01923023	0,00343266	0,00944243	0,00907657	0,01468
0,00821902	0,00497502	0,02350156	0,00362819	0,00914462	0,01421491	0,00732071
0,00607763	0,00672967	0,03636195	0,00376216	0,0070441	0,00744756	0,01371065
0,0322916	0,00269891	0,00314778	0,00185392	0,01492205	0,00713128	0,03609717
0,00758281	0,00312172	0,01549747	0,00244052	0,00653187	0,01114317	0,01303549
0,01048456	0,00598271	0,01262826	0,00439221	0,01070115	0,01862105	0,01300173
0,01110525	0,01090135	0,03237848	0,0056523	0,00696468	0,0080541	0,00636583
0,01081559	0,00303011	0,00853336	0,00189375	0,01374671	0,01187536	0,01620394
0,02709846	0,00357976	0,02074377	0,00572834	0,01425894	0,00516	0,01594352
0,01096042	0,00477066	0,02753146	0,00311039	0,00661526	0,00731325	0,00959215
0,00977076	0,0092806	0,02452296	0,00727086	0,00535256	0,01324443	0,02038513
0,0135932	0,00631391	0,03219277	0,00642718	0,01258726	0,00838771	0,01054221
0,01618459	0,00827291	0,02165374	0,00522502	0,01120544	0,00834871	0,01267379
0,00988455	0,00539078	0,01035331	0,00393597	0,01080836	0,01172373	0,01435688
0,00870006	0,00252979	0,01329681	0,00423651	0,01116176	0,0142669	0,01837893
0,01174146	0,00723703	0,02453224	0,00857802	0,00470136	0,00743023	0,00937031
0,00681729	0,0165881	0,02935141	0,00548211	0,00551139	0,01287617	0,00383397
0,01337595	0,00606727	0,01780956	0,00530468	0,00931139	0,01291516	0,01204686
0,01555356	0,00317809	0,01313896	0,00712602	0,01155884	0,0097741	0,0190541
0,00955869	0,004369	0,01852454	0,0034399	0,00683762	0,01398095	0,00954875
0,01765357	0,00539783	0,02534008	0,00385631	0,01012937	0,00627778	0,01076887
0,00844661	0,0015362	0,01064116	0,00179599	0,00932331	0,01450519	0,01386015

0,02137256	0,01259258	0,01192256	0,0077959	0,01128485	0,00483073	0,00925457
0,01350009	0,00459449	0,01511677	0,00475068	0,00582905	0,01489078	0,0150658
0,00107587	0,00014798	0,05739357	0,00437772	0,00381986	0,0003466	0,03415366
0,00790868	0,00493274	0,02105019	0,00374044	0,0112372	0,01293682	0,01033001
0,0078104	0,00348815	0,01690886	0,00672047	0,00682968	0,0094535	0,00800069
0,00774833	0,00242409	0,01342681	0,00206032	0,009093	0,00865632	0,01437135
0,00743281	0,00487636	0,02547008	0,00544228	0,00696866	0,01023335	0,01481503
0,0089173	0,01516465	0,02326942	0,00769813	0,00851725	0,01075758	0,00804892
0,01651563	0,0068706	0,00954548	0,00397942	0,01683595	0,01267254	0,01278954
0,00871041	0,00229725	0,01128186	0,00267226	0,00573772	0,01063627	0,01073993
0,03819854	0,00114158	0,00565486	0,00872648	0,01483073	0,00417219	0,03073926
0,02568638	0,00228315	0,00577557	0,00171995	0,00971641	0,00615647	0,03250433
0,00815695	0,0104715	0,01798598	0,0052033	0,00895403	0,01307546	0,00816466
0,00773281	0,00730045	0,03164492	0,00524313	0,00707189	0,01053662	0,012505
0,00808971	0,00805446	0,01693672	0,00680738	0,00968067	0,00967446	0,00977059
0,00349658	0,00770212	0,01137472	0,00300538	0,00657555	0,0207873	0,00549294
0,00991559	0,00648303	0,02719718	0,00356301	0,0039231	0,01066227	0,00694455
0,00903627	0,003918	0,02106876	0,00436324	0,00519373	0,00955748	0,01498382
0,01186043	0,00332608	0,01079902	0,00263605	0,00915256	0,01018136	0,01325251
0,12176463	0,00417873	0,00039928	0,00164029	0,00189007	0,00066287	0,00385326
0,00890179	0,00241	0,00974047	0,0028352	0,01188047	0,01625118	0,01611713
0,00873627	0,00345996	0,02300943	0,00425461	0,00758809	0,00617814	0,01092801
0,01084145	0,00902691	0,0406797	0,00526485	0,00573375	0,00899859	0,00456218
0,01482424	0,0074273	0,05034588	0,00453704	0,01706229	0,0058662	0,00679022
0,00978627	0,00913261	0,02138447	0,00726724	0,00740544	0,0111605	0,00630796
0,0121656	0,0045804	0,02293514	0,00545314	0,01021672	0,00808443	0,01493559
0,01018455	0,00698335	0,03476485	0,00448635	0,00503093	0,00623446	0,00810197
0,00836902	0,00653236	0,01511677	0,00535176	0,00898976	0,00852635	0,00806339
0,00540521	0,00756823	0,02855286	0,00447187	0,00495549	0,00665471	0,00907613
0,01168456	0,00720885	0,03118994	0,005359	0,00494358	0,00934086	0,0093028
0,0260588	0,00518642	0,00881192	0,00496794	0,00747294	0,00599617	0,01931452
0,00641901	0,003164	0,0598635	0,00584058	0,00866813	0,00273814	0,00640924
0,02460017	0,00621525	0,00488416	0,00229568	0,02035006	0,00473542	0,00358319
0,01066042	0,01964639	0,0047356	0,00852371	0,02149761	0,00532463	0,00856976
0,00682763	0,00945677	0,01728028	0,00278451	0,00624598	0,01042398	0,00575819
0,00685867	0,00920308	0,01830169	0,00431979	0,00805664	0,00859567	0,00727248
0,0210829	0,00415759	0,01262826	0,00328782	0,00763574	0,00918489	0,01130418
0,01341733	0,00323447	0,01346395	0,00349783	0,00831474	0,01173239	0,00979952
0,00561728	0,00344587	0,01046474	0,00258536	0,00590053	0,00880796	0,00963073
0,0080535	0,0016419	0,00625842	0,00135785	0,01395319	0,01656745	0,00942336
0,00678625	0,00711724	0,01457821	0,00335662	0,00528506	0,00760786	0,00770652
0,01073801	0,00396028	0,01725243	0,00314298	0,00995068	0,0096398	0,01193111
0,01262078	0,00648303	0,00560843	0,00378389	0,0122021	0,01299748	0,01364314
0,01161215	0,00540487	0,02508937	0,00448273	0,01531913	0,00871264	0,00759077
0,00937248	0,00479885	0,01651887	0,00298004	0,00808046	0,00967446	0,00587393
0,00624832	0,00841384	0,01237755	0,00689066	0,00934316	0,01338307	0,00777403
0,00544659	0,00665215	0,011384	0,00647787	0,00605538	0,01243859	0,01022874
0,01055697	0,00339654	0,00862621	0,00648873	0,00460209	0,00470076	0,010412
0,03393644	0,00269891	0,00525558	0,00201687	0,01059394	0,00899426	0,00852154
0,00723626	0,01970277	0,02053949	0,00888942	0,00424075	0,00598751	0,00917741



0,03320713	0,00479885	0,00623056	0,00590938	0,00816782	0,00253451	0,00887359
0,01279147	0,00465792	0,00539487	0,00573196	0,00763177	0,00814075	0,0124182
0,00704488	0,00433376	0,03538697	0,00199152	0,00628966	0,01089189	0,00323597
0,01284319	0,00348815	0,01444821	0,00294383	0,01215842	0,01151577	0,01365278
0,00644487	0,0036009	0,01262826	0,00491362	0,00806061	0,0090939	0,01210955
0,01219664	0,00516528	0,02153303	0,00694497	0,0118209	0,00461411	0,00417637
0,01640184	0,00431262	0,01286039	0,00280985	0,0060395	0,00799778	0,00873855
0,00706557	0,00369955	0,01309253	0,00293659	0,00991098	0,01204433	0,00686256
0,0067966	0,00333312	0,01244255	0,00196979	0,0094464	0,00699264	0,00695419
0,01024662	0,00393914	0,01696458	0,00374044	0,01142383	0,00821874	0,01244713
0,00678108	0,00441128	0,00555272	0,00309591	0,01792394	0,0118667	0,00679987
0,00919662	0,00520052	0,00564557	0,00536624	0,00935904	0,00992574	0,01162729
0,01106387	0,00472134	0,01216398	0,00353042	0,00927566	0,00376927	0,00791871
0,01177767	0,00991481	0,00635127	0,00329144	0,00451474	0,00879496	0,01198899
0,01100697	0,00427739	0,01746599	0,00230292	0,00740544	0,00404222	0,00804892
0,00803799	0,0040378	0,01459678	0,00495345	0,00821944	0,01029834	0,01377335
0,0108518	0,00720885	0,02139375	0,00417133	0,00575758	0,00561058	0,00737858
0,00648108	0,00723703	0,01137472	0,00405184	0,005293	0,01177138	0,00629832
0,005519	0,00386868	0,0247551	0,00355577	0,00683365	0,00400756	0,00438857
0,00599487	0,00522166	0,00303635	0,00872648	0,02262133	0,00298509	0,01292457
0,00655867	0,00448175	0,01085473	0,00364991	0,00699645	0,01087456	0,00797658
0,01040697	0,00488341	0,02535865	0,00409167	0,00462195	0,00482207	0,0071905
0,00654315	0,01048559	0,02991782	0,00338558	0,00648025	0,00807143	0,00493834
0,01181388	0,00388277	0,02170017	0,00206032	0,00731808	0,00482207	0,01202274
0,00871558	0,00635619	0,01865453	0,00483396	0,00667085	0,00931486	0,01146332
0,00773281	0,00353748	0,01222898	0,00240793	0,0062698	0,01039798	0,00961144
0,00861213	0,003918	0,01187613	0,01027624	0,01048276	0,00512101	0,01132347
0,00728798	0,00106406	0,01121686	0,00234999	0,00724661	0,00854801	0,01224941
0,01197422	0,00423511	0,0195738	0,00425099	0,00736573	0,00936685	0,00738822
0,00743798	0,00799808	0,02230373	0,00560522	0,00467357	0,0055066	0,00596073
0,00711729	0,00515119	0,06088491	0,00418581	0,00079018	0,01006871	0,00459594
0,01073801	0,00941448	0,01339895	0,00590214	0,00588861	0,00852201	0,0100937
0,00682763	0,0084984	0,01489391	0,00448997	0,00524138	0,0084007	0,00524217
0,01236215	0,00838566	0,01757742	0,00361008	0,00582508	0,00673703	0,00754255
0,00777936	0,00638437	0,00878407	0,00766916	0,00923595	0,00924121	0,00673717
0,01647942	0,00219859	0,01481034	0,00225585	0,010451	0,0060135	0,01188771
0,00564832	0,00656759	0,02281443	0,00633303	0,00461003	0,00626045	0,00647675
0,0216467	0	0,13620874	0,0003114	5,56E-05	0,00032927	0,00295143
0,00158794	0,01642602	0,00862621	0,0021617	0,02093376	0,00778549	0,00669377
0,00722074	0,0025157	0,01580389	0,00324075	0,00756427	0,00756453	0,01210955
0,00875696	0,00339654	0,01203399	0,00183944	0,00897785	0,00896393	0,01106305
0,00915524	0,00699744	0,01122615	0,00346162	0,00916448	0,00668504	0,00880125
0,00829661	0,00809674	0,02962069	0,00468912	0,00358558	0,00770317	0,00450913
0,01106387	0,01203588	0,00888621	0,00495707	0,01189238	0,00649441	0,00632243
0,0074535	0,00411531	0,00882121	0,00346524	0,00600774	0,00887728	0,00856494
0,00907248	0,00486227	0,01875667	0,0047543	0,00615862	0,00636876	0,00672271
0,00942938	0,00506663	0,0109383	0,00316109	0,00899771	0,00895526	0,00734
0,00813109	0,00223383	0,0129811	0,00303073	0,00429237	0,0077335	0,00874338
0,00707074	0,01280398	0,01066902	0,005808	0,00574567	0,00732625	0,00784637
0,00430348	0,01220501	0,01672315	0,004356	0,00261275	0,01076625	0,00463934

0,00543107	0,00491865	0,01265611	0,00357387	0,00399457	0,01027234	0,00650569
0,01314319	0,00292441	0,01622174	0,00324799	0,00962111	0,00609582	0,00760524
0,00462417	0,01148623	0,01783741	0,00751708	0,00488004	0,00864332	0,00460558
0,01948979	0,00490455	0,02331585	0,00334937	0,00510638	0,00717461	0,00776921
0,01048456	0,00542601	0,01059474	0,00476154	0,00777472	0,00745622	0,00827558
0,00457762	0,00267073	0,00980547	0,00312488	0,0073697	0,01005572	0,00808268
8,79E-05	0,01138053	0,04001114	0,00114422	0,0001628	0,00058055	0,00728695
0,00693108	0,00119795	0,00622127	0,0027483	0,00852519	0,00570156	0,00747021
0,01038628	0,00314991	0,02731789	0,00318643	0,0092836	0,0039599	0,00829005
0,00853971	0,00259321	0,00888621	0,00314298	0,00664305	0,01000373	0,00974165
0,00652763	0,0044747	0,00912763	0,00278089	0,00622613	0,00659839	0,00550741
0,00656901	0,0043549	0,03010353	0,00278813	0,00174713	0,00575355	0,00385808
0,00311382	0,00716656	0,03001996	0,00515985	0,00248569	0,00460977	0,0056762
0,00676039	0,00477771	0,01499605	0,00295469	0,00350617	0,00553693	0,00929315
0,004619	0,01923768	0,0118947	0,00463119	0,00306939	0,00669803	0,00436928
0,0068535	0,00253684	0,00868193	0,00211825	0,00708778	0,00766418	0,00882536
0,01712081	0,00088085	0,00791123	0,00297642	0,02867671	0,00153804	0,02597935
0,01208284	0,00227611	0,00948976	0,00178875	0,01573606	0,00575788	0,00663108
0,01315871	0,00539078	0,0090162	0,00370785	0,00925977	0,00410287	0,01458354
0,00753109	0,00306535	0,00868193	0,00220516	0,01076072	0,00763385	0,00828041
0,02246912	0,00439014	0,00847765	0,00487379	0,01033982	0,0041202	0,01612195
0,005369	0,00390391	0,00791123	0,00266864	0,00618642	0,01021169	0,00984293
0,0143432	0,0077444	0,02384512	0,0029221	0,00390721	0,0046661	0,00351085
0,00680177	0,00706086	0,02027021	0,00302349	0,005293	0,00727859	0,00513125
0,01327768	0,00236067	0,01702029	0,00456963	0,00784619	0,00628212	0,00675164
0,00741212	0,00805446	0,02314871	0,00469999	0,00345058	0,00683234	0,00725801
0,01042766	0,00076105	0,00683412	0,00309591	0,00700042	0,00604383	0,00449466
0,00366209	0,00951314	0,01382608	0,00525761	0,00329572	0,01373834	0,00152394
0,01196388	0,01044331	0,0118297	0,00420392	0,00266834	0,00598317	0,00630796
0,00867937	0,00340359	0,00614699	0,00308142	0,0117812	0,00111345	0,00233414
0,00765523	0,00188149	0,00441989	0,00163305	0,00277952	0,00596151	0,0065298
0,00370865	0,01068995	0,03301918	0,00481224	0,00294629	0,00470509	0,00231003
0,00491383	0,00377707	0,01440178	0,0035087	0,00547169	0,00811043	0,00620186
0,0044121	0,00152915	0,01708529	0,00137234	0,0020489	0,00095315	0,00261867
0,00774316	0,00258616	0,00508844	0,00250569	0,01010554	0,01216564	0,0075329
0,00473796	0,0052287	0,0141325	0,00309953	0,00560669	0,00864332	0,00504444
0,00633108	0,00591929	0,01864525	0,00354128	0,00260084	0,00740423	0,00959215
0,00814144	0,00387572	0,01360323	0,00414598	0,0084696	0,00526398	0,00781261
0,00939834	0,01159194	0,00930405	0,00301263	0,00810429	0,00600484	0,00565209
0,00545176	0,00339654	0,01283254	0,00232103	0,0045465	0,00892927	0,01678265
0,00510521	0,00586996	0,00989832	0,00405184	0,00274776	0,00749955	0,00264279
0,00401382	0,01092954	0,00893263	0,00559798	0,00701233	0,00775516	0,00684809
0,00661039	0,00403075	0,03616695	0,00742294	0,0063651	0,00481773	0,00728213
0,00764488	0,00267777	0,00886764	0,00218343	0,00711557	0,00771184	0,00693008
0,00139656	0,0066451	0,01437393	0,00324799	0,00080209	0,00836171	0,00976094
0,00596383	0,00515824	0,02095733	0,00342179	0,00693689	0,00490871	0,00736893
0,00121553	0,00919603	0,02464367	0,00329506	0,00426061	0,00731758	0,003072
0,00319657	0,00767393	0,02482009	0,00723103	0,00236259	0,00746489	0,00348674
0,00726212	0,00388277	0,01346395	0,00298004	0,00509049	0,00714861	0,00581123
0,00680177	0,00155734	0,00892335	0,00398666	0,00560272	0,00650307	0,00702171

0,00817764	0,0038264	0,01450392	0,00272295	0,00464577	0,00719194	0,00859387
0,00752591	0,00489751	0,00717768	0,00403373	0,00848548	0,00628645	0,00917259
0,00636211	0,0053344	0,01161614	0,00467102	0,00287085	0,00331436	0,00495763
0,01006559	0,01095773	0,00434561	0,02027367	0,00173919	0,00233088	0,00827076
0,00646039	0,00532736	0,01228469	0,00441393	0,00590053	0,00597884	0,00570514
0,00976041	0,00465087	0,01230326	0,00264329	0,00678203	0,00521632	0,01123184
0,0073966	0,00279052	0,00737267	0,00158235	0,00315277	0,00730025	0,00641406
0,00455176	0,0049116	0,01382608	0,0047543	0,0115906	0,00982609	0,00605719
0,0082242	0,00322742	0,01143971	0,00311763	0,0036372	0,00636443	0,01075922
0,00681212	0,00413645	0,01108687	0,0047362	0,01114191	0,0077335	0,00671306
0,0125225	0,0030442	0,00642555	0,00313212	0,00604347	0,00416353	0,01046987
0,00945524	0,0020788	0,00751196	0,00229206	0,00780648	0,01019002	0,00820324
0,0073966	0,0041435	0,02237801	0,0026107	0,00369279	0,00452312	0,00530968
0,00412762	0,00702563	0,01340824	0,00279899	0,0038278	0,00729159	0,00422942
0,00919144	0,00497502	0,01194113	0,00324437	0,00672644	0,00400756	0,00670342
0,01453458	0,00642665	0,01232184	0,00372595	0,00734985	0,00317572	0,00614399
0,00747936	0,00196605	0,01155114	0,00229568	0,00656761	0,00680635	0,01055185
0,0126725	0,00469315	0,00925763	0,00264691	0,00869196	0,00506035	0,0081502
0,01032421	0,00740616	0,01338038	0,00409167	0,00710763	0,00521199	0,00594627
0,00031552	0,00225497	0,00198709	0,00224861	0,00193375	0,00054156	0,00014468
0,00579314	0,00255093	0,01193185	0,00319367	0,00688924	0,00785914	0,01020462
0,01132249	0,00265663	0,00278565	0,00342541	0,01693522	0,00246519	0,00295625
0,00566383	0,00650417	0,03202563	0,00447549	0,00253333	0,00405955	0,00694455
0,00607246	0,00476362	0,02567436	0,00541693	0,00340293	0,0041462	0,00590286
0,00739143	0,00223383	0,01437393	0,0018503	0,00420899	0,00348766	0,00613435
0,00373451	0,0052287	0,01467106	0,00338196	0,00625392	0,00661572	0,00470204
0,00769143	0,00940039	0,01154185	0,00710792	0,00588067	0,00354398	0,00691561
0,00961041	0,00343178	0,00490274	0,00314298	0,01002216	0,00610448	0,01276542
0,010288	0,0034952	0,01897953	0,00298728	0,00463386	0,00520332	0,00777403
0,00725177	0,00256502	0,02569293	0,00306332	0,00520565	0,00618247	0,00790907
0,00631039	0,00547534	0,01517248	0,00236086	0,0047093	0,00661572	0,00651051
0,01600873	0,00248046	0,00622127	0,0022993	0,01339729	0,0042805	0,00869997
0,00886041	0,00241704	0,00580343	0,00341455	0,00559478	0,00720927	0,02308579
0,00600521	0,00385458	0,00804123	0,00295107	0,00517785	0,00473542	0,00595109
0,00886558	0,0027271	0,01378894	0,00223412	0,00447503	0,00671536	0,00620669
0,00595349	0,00145164	0,00986118	0,00203135	0,00852916	0,00654206	0,00871926
0,00115346	0,00128251	0,04036399	0,00115146	0,0024976	0,00482207	0,00770169
0,00836385	0,00706791	0,02199731	0,00373319	0,00493166	0,00438015	0,00942336
0,00980696	0,0043549	0,01231255	0,00170909	0,00736176	0,0063731	0,00804892
0,00517762	0,00323447	0,00797623	0,00229568	0,00920815	0,0084397	0,00707958
0,00631556	0,0039321	0,02047449	0,00394683	0,00385162	0,00650307	0,00836239
0,00535349	0,00586291	0,0109383	0,00551832	0,00194964	0,0116934	0,00390631
0,00686901	0,0062223	0,02265658	0,00487741	0,00453856	0,0041202	0,00476955
0,00541556	0,00472134	0,01320396	0,00242965	0,00607127	0,00852201	0,00629349
0,00777936	0,00408713	0,02300943	0,00104645	0,00298203	0,00350499	0,00382432
0,00991041	0,00308649	0,00618413	0,00238982	0,01084807	0,00645975	0,00431141
0,0041483	0,00478476	0,01396537	0,00285693	0,00334337	0,0072396	0,0063803
0,00120518	0,00433376	0,02662148	0,00266864	0,00151285	0,00688	0,00231967
0,00488797	0,00375593	0,0138168	0,00388527	0,00702425	0,00957914	0,0047165
0,00689488	0,00372069	0,00173639	0,00468912	0,00228715	0,00788947	0,01202757

0,00513624	0,00813902	0,01048331	0,00358836	0,00455841	0,00784614	0,00487083
0,00758281	0,00305125	0,01066902	0,0031285	0,00432017	0,0061998	0,00522288
0,02371051	0,00166304	0,00554343	0,00119129	0,00570596	0,00139506	0,00215088
0,00549314	0,00446061	0,01814383	0,00301625	0,00511432	0,00511234	0,00513125
0,01087249	0,00288918	0,0167603	0,00508743	0,01144368	0,00362196	0,00751361
0,03279333	0,00098655	0,00059427	0,00021364	0,02463846	0,00121743	0,00335653
0,00735005	0,00303011	0,00790195	0,00258173	0,00677012	0,00494337	0,00628385
0,00650694	0,00319219	0,00983333	0,00192634	0,00346646	0,00518599	0,00343851
0,00750522	0,0054542	0,00751196	0,00467464	0,007465	0,00644675	0,00621633
0,00352244	0,00090199	0,00686197	0,00173805	0,00400648	0,0025735	0,00685774
0,00418968	0,00483408	0,01573889	0,00315746	0,00364514	0,00483506	0,00434516
0,00720005	0,00573607	0,01548818	0,0058261	0,0047093	0,00640342	0,00340958
0,00534831	0,00282576	0,01147686	0,00234999	0,00338307	0,0075472	0,01103893
0,00709143	0,00625048	0,00866336	0,00272295	0,00131432	0,0096398	0,00877713
0,00575176	0,00554581	0,01750313	0,00294021	0,00223553	0,00736091	0,00463934
0,0032483	0,00420692	0,01612888	0,00427996	0,0068535	0,00336201	0,00721461
0,00888627	0,00409417	0,01119829	0,00303797	0,00624995	0,00358297	0,00396418
0,01089835	0,00373479	0,00532987	0,00379113	0,00854107	0,00294176	0,0104554
0,00622763	0,00180397	0,00886764	0,00229206	0,00546771	0,00821441	0,00668895
0,01556907	0,00210698	0,00609128	0,00278089	0,01071307	0,00279013	0,00735929
0,00544659	0,00339654	0,01980593	0,00282796	0,00341087	0,00272081	0,00801516
0,00137587	0,00187444	0,01421607	0,00341455	0,00239436	0,00255617	0,01089908
0,00688453	0,00188149	0,01373323	0,00194807	0,00211244	0,00919788	0,01124148
0,01705357	0,00394619	0,01486606	0,00689428	0,00211641	0,00145572	0,01074475
0,01133801	0,00519347	0,01712243	0,00334937	0,00483637	0,00303708	0,00500586
0,00543624	0,00355862	0,01505177	0,00279537	0,00510241	0,00427184	0,00656838
0,00379141	0,00238886	0,00904406	0,00132165	0,0048721	0,00296343	0,00385808
0,0051259	0,0022902	0,00719625	0,00247311	0,00447503	0,00703597	0,00788978
0,004619	0,00277643	0,01176471	0,00227033	0,00533668	0,00389924	0,00785602
0,00601039	0,00145868	0,01147686	0,0018503	0,00975612	0,00918922	0,00386773
0,00427244	0,0048059	0,01530248	0,0029221	0,00512226	0,0060005	0,00496246
0,00757247	0,0047002	0,00726125	0,00325885	0,00501505	0,00626479	0,00582088
0,00423106	0,00574312	0,01425322	0,00373319	0,00568611	0,00558458	0,00502515
0,00432934	0,0065394	0,01233112	0,00369336	0,00524138	0,00748222	0,00421495
0,00705005	0,00394619	0,0093412	0,00271209	0,00628172	0,00675002	0,0090038
0,00454658	0,00401666	0,00669483	0,00261432	0,00331557	0,00704897	0,00434034
0,00457245	0,00429853	0,02090162	0,0016258	0,00219979	0,00500836	0,00444162
0,00691557	0,00396028	0,02086448	0,00226671	0,00377221	0,00408987	0,00503962
0,00601556	0,00335426	0,01338038	0,00228844	0,00603156	0,00474408	0,00662625
0,00423624	0,00542601	0,01782813	0,00410977	0,00327586	0,00591385	0,00455254
0,00708108	0,00332608	0,01642602	0,00133975	0,00566625	0,00805844	0,00410403
0,00425693	0,00453107	0,02205302	0,00462395	0,00227127	0,00421985	0,00674682
0,00467589	0,0019731	0,00653698	0,00166201	0,00545183	0,00630811	0,00582088
0,00016035	0,01218386	0,00262779	0,0018503	0,00010324	0,00203627	0,00858905
0,00334658	0,01621462	0,01970379	0,00794435	0,00279143	0,00335768	0,00491423
0,00218795	0,00493274	0,01291611	0,00485931	0,00567816	0,00515567	0,00644782
0,00785178	0,00344587	0,02271229	0,00316109	0,00316071	0,00419819	0,00516501
0,00652763	0,00301602	0,01883096	0,00224137	0,00383971	0,00684534	0,00488047
0,00394141	0,00341064	0,01032546	0,00218343	0,00995465	0,00526398	0,00897486
0,01292595	0,00271301	0,00461489	0,00150993	0,00495152	0,00367829	0,0081936

0,01353113	0,00368546	0,00344491	0,00182134	0,01076866	0,00452312	0,00536273
0,01382596	0,00222678	0,00269279	0,00215446	0,00908109	0,00341834	0,01351293
0,00272588	0,00484113	0,00455917	0,00156425	0,00046061	0,005173	0,0053772
0,00312933	0,00857592	0,01859882	0,00481586	0,00240627	0,00373894	0,00541096
0,01179836	0,00147278	0,01009332	0,00330954	0,01300021	0,00148605	0,01348881
0,00685867	0,00191672	0,00745624	0,00211825	0,00721087	0,00463577	0,00722426
0,00537418	0,00116976	0,00941548	0,00366802	0,00604744	0,00305441	0,01807029
0,00481555	0,00362204	0,01203399	0,0027664	0,00329175	0,00683667	0,00856494
0,0089173	0,0043549	0,01065973	0,0015896	0,00484828	0,00353098	0,00606201
0,00820868	0,00598975	0,01224755	0,00236086	0,00287482	0,00518166	0,00290803
0,0029483	0,003164	0,00842193	0,00417857	0,00687336	0,00572322	0,00552188
0,00562763	0,007082	0,00883049	0,00187203	0,00188213	0,0056539	0,00283087
0,00901041	0,00387572	0,00846836	0,00384182	0,00923198	0,00358297	0,00647675
0,00419486	0,00269891	0,00958262	0,00242241	0,00538036	0,00450146	0,00602825
0,00257588	0,00448175	0,01209898	0,00237172	0,00306939	0,00740423	0,00443197
0,00792937	0,00396028	0,00590557	0,00184306	0,00738161	0,00684101	0,00561833
0,00716902	0,00372069	0,00609128	0,00211101	0,00445915	0,00541128	0,00274406
0,00335175	0,00241	0,00454989	0,00170184	0,00497137	0,00198861	0,0015577
0,00925869	0,00260731	0,00594271	0,00205308	0,00258495	0,0029331	0,0055267
0,00534314	0,00279757	0,00734482	0,00201687	0,00742529	0,00610882	0,00513125
0,00490866	0,00456631	0,01741028	0,00214722	0,00204096	0,00439315	0,00335653
0,01097594	0,0018533	0,00191281	0,00161132	0,00607921	0,00405521	0,01370101
0,00574142	0,00204356	0,00644413	0,00195893	0,00429237	0,00840504	0,00650569
0,00113277	0,00059193	0,01182042	0,00074954	0,00216009	0,00538962	0,00324079
0,00955351	0,00559514	0,01229398	0,00485569	0,00531286	0,00107446	0,00715674
0,00547762	0,00222678	0,02184874	0,00180685	0,00269216	0,003414	0,00619222
0,01023628	0,00333312	0,00469845	0,00223774	0,00406207	0,00357431	0,01249054
0,01340699	0,00200833	0,00772552	0,00159684	0,01331787	0,00151637	0,00532415
0,00469658	0,00196605	0,00693626	0,0025419	0,00359749	0,01116483	0,00512642
0,00343451	0,00168418	0,01041831	0,00087265	0,00630157	0,00478741	0,00325043
0,00535866	0,00412236	0,00621199	0,00236448	0,00532477	0,00276413	0,00287909
0,01301906	0,00355862	0,00416918	0,00251656	0,01140398	0,00200594	0,00328419
0,00262243	0,00301602	0,00608199	0,00322626	0,00494755	0,00574055	0,00440303
0,00233278	0,00510186	0,017011	0,00174892	0,00232289	0,00431516	0,00324561
0,00317071	0,00486227	0,01349181	0,00535176	0,00368882	0,00376927	0,00466828
0,00847765	0,0007681	0,01360323	0,00040555	0,01128485	0,00740856	0,00395453
0,00392072	0,00137412	0,0087655	0,00173443	0,00359352	0,00480474	0,00612953
0,0028345	0,00723703	0,01665816	0,00393597	0,00161212	0,00392957	0,0028598
0,00504831	0,00360795	0,00974976	0,0026614	0,00520167	0,00468776	0,00540614
0,00275692	0,00257207	0,00830122	0,0028171	0,00327983	0,00811476	0,00474544
0,00774316	0,00384049	0,00596128	0,00289314	0,00385559	0,00400322	0,00511678
0,00177932	0,00314286	0,00558986	0,00279175	0,00603553	0,0037996	0,00607648
0,00371899	0,0042492	0,0137518	0,00302711	0,00572581	0,00431083	0,00494799
0,00256554	0,00111339	0,00873764	0,00202049	0,00737367	0,00796745	0,00453807
0,00742247	0,00311467	0,00905335	0,00232827	0,00517388	0,00519466	0,00550741
0,00720522	0,00213517	0,00979618	0,00274106	0,00618642	0,00440615	0,00379539
0,0019345	0,00356567	0,01346395	0,00278451	0,00093313	0,01145511	0,00305753
0,00457245	0,00193786	0,00530201	0,00202049	0,00480063	0,00678035	0,00544954
0,00358451	0,00047213	0,00547843	0,00094145	0,00272393	0,00235254	0,00637548
0,00683798	0,0048059	0,00449417	0,01022917	0,00203302	0,00183698	0,0041185

0,0049759	0,0027271	0,01192256	0,0028171	0,00276364	0,00443214	0,00568585
0,00655867	0,00399552	0,00947119	0,00385631	0,0045465	0,00441048	0,0065925
0,01130698	0,00379116	0,01402108	0,00275916	0,00990701	0,00263416	0,00431623
0,00347071	0,00223383	0,00797623	0,00167288	0,005158	0,00519466	0,00383397
0,0070397	0,00192377	0,01245183	0,00142303	0,01228151	0,00129975	0,00376645
0,0040552	0,00281871	0,0183574	0,00195169	0,0022395	0,00277713	0,003371
0,00472245	0,0042633	0,01767956	0,00313936	0,00275173	0,00389924	0,00403652
0,00733453	0,00338245	0,00892335	0,00443204	0,00384765	0,0039729	0,00613435
0,00635694	0,00195196	0,00809694	0,00771623	0,00528506	0,00726992	0,01008888
0,00516728	0,00508072	0,00857979	0,00186117	0,002172	0,00426751	0,00422942
0,00428796	0,003164	0,00549701	0,00462033	0,00493961	0,00352232	0,00257527
0,0026276	0,00589815	0,01226612	0,00213274	0,00287879	0,00548927	0,00363142
0,00705522	0,00252274	0,00783695	0,00242241	0,00736573	0,00397723	0,00439339
0,01046387	0,00217745	0,00489345	0,0032842	0,00797722	0,00142539	0,01193594
0,00358968	0,00329084	0,00693626	0,00236448	0,00293041	0,00648574	0,00437892
0,00340347	0,00295964	0,00714054	0,00244052	0,00276761	0,00539395	0,0091533
0,00025345	0,01717298	0,00152282	0,02533575	8,74E-05	0,00035526	0,0004485
0,00375003	0,00198719	0,00772552	0,0015896	0,0051302	0,00563224	0,00704582
0,00338278	0,00346701	0,00946191	0,00183582	0,00557095	0,00499103	0,00413297
0,00470693	0,00227611	0,00696411	0,00239707	0,00376029	0,00365662	0,00342887
0,0163708	0,00016912	0,00024142	0,00089075	0,00432414	0,00012564	0,00359284
0,00602073	0,00415055	0,01679744	0,00372957	0,00214023	0,00292443	0,00559422
0,00799143	0,00190967	0,00501416	0,00137596	0,00281923	0,00274247	0,00709405
0,00722074	0,0034952	0,00977761	0,00188651	0,00332748	0,00268615	0,00379056
0,00450003	0,00819539	0,01306467	0,00241517	0,00092518	0,00310207	0,00168791
0,00367244	0,00357271	0,01030689	0,00177788	0,00351808	0,0035873	0,00269101
0,00312933	0,00380526	0,0026835	0,00242603	0,00211641	0,00389058	0,00580641
0,00571556	0,00169123	0,0041599	0,0016765	0,00365308	0,0063601	0,00872409
0,00361554	0,00034529	0,00647198	0,00015208	0,00048046	0,00233521	0,00223286
0,0034552	0,00128251	0,0041599	0,00128182	0,00263657	0,00624746	0,00655874
0,00678625	0,00228315	0,00585914	0,00256363	0,0030535	0,0036133	0,01003101
0,00805868	0,00069763	0,00652769	0,00059021	0,00904138	0,00261683	0,00717603
0,00637763	0,00364318	0,01154185	0,00305608	0,00366103	0,00193229	0,00496246
0,00271554	0,00212812	0,01154185	0,00250932	0,00254525	0,00265582	0,00466828
0,009538	0,00175465	0,00297135	0,00255277	0,00319248	0,00243919	0,01183949
0,00292243	0,00461563	0,01210827	0,00173081	0,00227524	0,00317139	0,0032215
0,00305175	0,00181102	0,00494916	0,00154252	0,00505873	0,00610882	0,00475991
0,00394658	0,00174055	0,01091044	0,0016765	0,00402633	0,00383426	0,00414261
0,00355865	0,00215631	0,01345466	0,00289314	0,00297012	0,00555859	0,0059318
0,00465521	0,00422806	0,0216166	0,00204583	0,00114755	0,00233521	0,0017072
0,00355865	0,0042633	0,02205302	0,00270123	0,00185434	0,00264715	0,00254151
0,00555004	0,00151506	0,00882121	0,00127819	0,00312498	0,00350932	0,00508302
0,00415865	0,00183921	0,00361205	0,00129268	0,00454253	0,00288977	0,00601378
0,00655867	0,00815311	0,01337109	0,00590938	0,00643261	0,00247385	0,00225215
0,00715867	0,00231839	0,01219184	0,00268674	0,02160085	0,00227023	0,00650087
0,00328968	0,00274824	0,00614699	0,00195169	0,00502696	0,00743456	0,00358802
0,00496038	0,00353043	0,0072891	0,00257811	0,00345058	0,00421118	0,00454289
0,00570004	0,00133889	0,00367705	0,00209653	0,00528109	0,00522932	0,00620186
0,00328968	0,00493979	0,0067134	0,00197342	0,00285894	0,00643808	0,00379539
0,00763971	0,00660282	0,0046056	0,00262881	0,00552728	0,00405088	0,00478884

0,00660522	0,00093722	0,00838479	0,00123474	0,00310115	0,00255184	0,00476955
0,00408106	0,00170532	0,00369562	0,00112249	0,00471724	0,0046271	0,00641406
0,00451555	0,00136707	0,00016714	0,00081109	0,00051223	0,00221824	0,02952396
0,00125173	0,00083857	0,00093783	0,00346162	0,00144138	0,00030761	0,00499139
0,00416899	0,00537669	0,0121547	0,00326247	0,00313292	0,00298076	0,00377127
0,00300002	0,00217745	0,00631413	0,00175978	0,00252142	0,00423718	0,00283569
0,00307244	0,00375593	0,00847765	0,00219067	0,00197346	0,0049607	0,00438374
0,00301554	0,00467906	0,017141	0,00414236	0,00143344	0,00307174	0,00248364
0,005519	0,00182511	0,01233112	0,00145924	0,00237451	0,00324504	0,00625491
0,00483624	0,00164894	0,00586843	0,00108266	0,00572184	0,00596584	0,00428729
0,00556556	0,00394619	0,01299039	0,00276278	0,00304556	0,00318005	0,00301413
0,0064397	0,00179693	0,0102326	0,00309591	0,00728234	0,00216191	0,00458629
0,0165208	0,00245932	0,00387205	0,00178513	0,00663511	0,00259516	0,00379539
0,00380175	0,00398847	0,00222852	0,00227033	0,00086959	0,00063254	0,01409646
0,00563797	0,00289622	0,02354798	0,00256363	0,00058767	0,00194529	0,00179883
0,00487245	0,00190967	0,00725196	0,00147735	0,00456636	0,00354398	0,0037761
0,00320692	0,00173351	0,0062677	0,0018503	0,00281129	0,00572322	0,00421495
0,00501728	0,00028892	0,00084498	0,00117319	0,00592435	0,00047657	0,01336825
0,00514659	0,00211403	0,00584985	0,00163305	0,00429237	0,00493038	0,00407028
0,01358803	0,00073991	9,29E-05	0,00026071	0,0075325	0,00193229	0,00302377
0,00338278	0,00205061	0,01083616	0,00196255	0,00267628	0,00350932	0,00259456
0,00786212	0,00178283	0,00605413	0,00202773	0,00981171	0,00350499	0,00216535
0,00337761	0,00246637	0,00694554	0,0019879	0,00409781	0,00260383	0,00409439
0,00777936	0,00140935	0,00545986	0,00312126	0,00521756	0,00210559	0,0061874
0,00632591	0,00188149	0,01363109	0,00232103	0,00274776	0,0020536	0,00700242
0,00458279	0,00336836	0,00766981	0,00195893	0,0033791	0,00307607	0,00475026
0,00281381	0,00306535	0,01274897	0,00093058	0,00121505	0,00540262	0,00394489
0,00949145	0,0042492	0,00356563	0,00285331	0,00481254	0,00248685	0,00675164
0,01662425	0,0007681	0,00060356	0,00050331	0,00657158	0,0020406	0,00750397
0,00271036	0,00210698	0,01590603	0,00196979	0,00254128	0,00246519	0,01533587
0,00636729	0,00162076	0,00485631	0,00317195	0,00286688	0,00227456	0,0127606
0,00558625	0,0006483	0,00048285	0,00028606	0,00609112	0,00026428	0,00227627
0,00209484	0,01095773	0,00442918	0,00325523	0,00188213	0,00159869	0,00369894
0,01054662	0,01324793	0,00126283	0,00108266	0,00512226	0,00188897	0,00866139
0,0041483	0,0056797	0,01527462	0,00150993	0,0015208	0,00104413	0,00272477
0,00108621	0,00627867	0,00477274	0,00397942	0,00082592	0,00423285	0,00198691
0,00158794	0,00050737	0,00766052	0,00127819	0,01152707	0,00095315	0,00371823
0,00267933	0,0021845	0,00586843	0,00133251	0,00197743	0,00402055	0,00412815
0,00617591	0,0025157	0,01734528	0,00210015	0,00266437	0,0015467	0,00369411
0,00174829	0,00147278	0,01637031	0,00161856	0,00154065	0,0037866	0,00460558
0,00372934	0,001959	0,00495845	0,00160046	0,0029582	0,00454045	0,0036266
0,00194484	0,01163422	0,00290636	0,00209291	0,00234274	0,00148171	0,00299484
0,004769	0,00247342	0,00935977	0,00229206	0,00332351	0,00190196	0,00329384
0,00329485	0,00202242	0,0040299	0,00148097	0,00298203	0,00536796	0,00333242
0,00292243	0,00219859	0,00996332	0,00220516	0,002172	0,00251285	0,00371823
0,00255519	0,00283985	0,01193185	0,00254552	0,00212038	0,00346599	0,00401723
0,02883641	0,00015503	0,0007057	0,00034761	0,02183909	9,53E-05	4,82E-06
0,00435003	0,00062012	0,00490274	0,00208204	0,00356176	0,00524232	0,00632725
0,00478969	0,00268482	0,00973119	0,00407718	0,003665	0,00267315	0,00541096
0,01570356	0,00156438	0,00088212	0,0056016	0,0013302	0,01113451	0,00012539

0,00292761	0,0021845	0,01026974	0,00105007	0,00317262	0,00356997	0,00287427
0,00177415	0,00143049	0,02111519	0,00123112	0,00063532	0,00312806	0,00369411
0,00577763	0,00187444	0,00323135	0,00159322	0,00969656	0,0013604	0,00370376
0,00335692	0,00031711	0,00039928	0,00194445	0,0005162	0,00034227	0,00040992
0,00396727	0,00188149	0,00867264	0,00208566	0,00276761	0,00230922	0,00501551
0,00189312	0,00500321	0,0075491	0,00107542	0,00119122	0,00376494	0,00151912
0,00464486	0,00170532	0,01010261	0,00128182	0,00460209	0,00282479	0,00229556
0,00384313	0,00324151	0,00527415	0,0018322	0,0032441	0,00544594	0,00344816
0,00350692	0,00451698	0,00736339	0,00183944	0,00183845	0,00258217	0,0016011
0,00549831	0,00433376	0,00282279	0,00187565	0,00459812	0,00308907	0,00733518
0,00660005	0,00255093	0,0068434	0,00195169	0,00201317	0,00205793	0,00385808
0,00405003	0,0007681	0,0041599	0,00204583	0,00391912	0,00280312	0,01601586
1,03E-05	0,00124728	0,00649055	0,00128544	0,00044472	0,00039859	7,23E-05
0,00308795	0,00100064	0,00720553	0,00086179	0,00326792	0,00417219	0,00428247
0,00371382	0,00188149	0,00310135	0,00086541	0,00764368	0,0042805	0,00355426
0,00648625	0,00309353	0,00414133	0,00172719	0,00517388	0,0043065	0,00494799
0,0041483	0,00136003	0,01139329	0,00172357	0,00364117	0,00432816	0,00522288
0,00162415	0,00104292	0,0053113	0,00078937	0,00218788	0,00471809	0,00363142
0,00325347	0,00112044	0,00610056	0,00070971	0,00527712	0,00470076	0,00402205
0,004469	0,00130365	0,01648173	0,00279537	0,00270011	0,0008665	0,00624045
0,00472245	0,00147982	0,01440178	0,00107542	0,00955758	0,00159003	0,00193869
0,00677074	0,00546829	0,00167139	0,00230654	0,00863637	0,00229189	0,00324561
0,00362589	0,00186035	0,00944334	0,00180685	0,00297012	0,00185431	0,00341922
0,00361037	0,00263549	0,01198756	0,00103559	0,00136197	0,00240453	0,00270066
0,00617073	0,00124728	0,02572079	0,00149545	0,00179875	0,00061088	0,00342405
0,00743281	0,00023254	0,0023678	0,00085092	0,00246583	0,00383859	0,00830452
0,00302588	0,00155734	0,00417847	0,00188651	0,00369279	0,00191496	0,00340476
0,00494486	0,00214927	0,00811551	0,00134337	0,00264054	0,00249118	0,0035639
0,00282933	0,00321333	0,00819908	0,0014701	0,00217597	0,00185431	0,00198209
0,00274657	0,00122614	0,00506987	0,00124923	0,00412163	0,0025735	0,00375198
0,00984834	0,00816016	0,00710339	0,00210377	0,00054399	0,00178066	0,00024113
0,00258623	0,00423511	0,00318492	0,00140493	0,00190596	0,00320605	0,00135997
0,00671901	0,00156438	0,00331492	0,00137234	0,00974421	0,00212292	0,00365553
0,00113277	0,00144459	0,00635127	0,00175616	0,00359749	0,00268615	0,00388219
0,00233795	0,00299488	0,00734482	0,00131078	0,0020489	0,00416786	0,00244506
0,00417934	0,00656054	0,01105901	0,00417495	0,00115549	0,00191496	0,00153359
0,00628453	0,00198014	0,0034542	0,00157511	0,0026604	0,0015467	0,00489976
0,00290174	0,00291032	0,00676912	0,00170547	0,0035419	0,00266015	0,0025608
0,00716902	0,00158552	0,00636984	0,00147735	0,00512226	0,00226589	0,00627903
0,00046552	0,01009097	0,00164353	0,003353	0,00060355	0,00111778	0,00210265
0,00391037	0,00354453	0,00941548	0,00222688	0,00215611	0,00250851	0,00267654
0,00408624	0,00389686	0,0141975	0,00182496	0,00190199	0,00258217	0,00217017
0,00213105	0,0018533	0,00879335	0,00051055	0,00077827	0,00028595	0,01179126
0,01767943	0,00129661	0,00195924	0,00124923	0,00820753	0,00042025	0,00157217
0,00317071	0,00199424	0,00503273	0,00150269	0,00424473	0,00335768	0,00334206
0,00829661	0,00052851	8,36E-05	0,00012311	0,03157932	0,00094448	0,00013021
0,00345002	0,00160666	0,00438275	0,00095231	0,0035419	0,00522499	0,00504926
0,00402934	0,00210698	0,00234923	0,00079661	0,00364911	0,00353531	0,0025608
0,00211553	0,00339654	0,00874692	0,00182134	0,00164786	0,00315839	0,00116707
0,00363623	0,00132479	0,00612842	0,00128182	0,0020092	0,00202761	0,00324561



0,00852937	0,00167008	0,00190352	0,00144114	0,00384368	0,00194096	0,0045236
0,00581901	0,001959	0,00277636	0,00233189	0,00488799	0,00204927	0,00821289
0,00256036	0,00106406	0,02112447	0,00145924	0,00041693	0,00290277	0,00313469
0,00742764	0,00095131	0,00335206	0,00399028	0,00290261	0,00275113	0,00742198
0,01573976	0,00063421	0,00163425	0,00089437	0,01138015	0,00080151	0,00202549
0,0028914	0,0010852	0,00656484	0,00097041	0,00229509	0,00295476	0,00355426
0,00163449	0,00274824	0,00081712	0,00042727	0,00214023	0,00183264	0,00421495
0,00243622	0,00286099	0,00943405	0,00242965	0,0015605	0,00185431	0,00190011
0,00813626	0,00193082	0,00119783	0,00134337	0,00360941	0,0025995	0,00200138
0,019376	9,16E-05	0,00031571	0	0,01543825	0,00012131	0,0005112
0,00357934	0,00202242	0,00890478	0,00220516	0,00140564	0,00236554	0,00333242
0,00977593	0,00131775	0,00080784	0,00154976	0,00890638	0,00126942	0,00274888
0,00245691	0,00071172	0,00337063	0,00073143	0,00221965	0,00321904	0,00510713
0,00188277	0,00119795	0,00339849	0,00043451	0,00163992	0,00346599	0,0028164
0,00909834	0,00105702	0,005627	0,00083282	0,0066907	0,0020406	0,00242095
0,00551383	0,00131775	0,00441989	0,00164753	0,00292247	0,00168101	0,00830452
0,00519831	0,00375593	0,00428989	0,00164029	0,00212435	0,00156403	0,0020689
0,00186208	0,00103588	0,00378848	0,00049607	0,00152477	0,00453179	0,00331313
0,00259657	0,00112748	0,00406704	0,00142303	0,00362926	0,00325804	0,00333724
0,00240002	0,00439718	0,00481917	0,00182496	0,00271202	0,00213592	0,00261385
0,00204312	0,00670852	0,01133757	0,00403373	0,00129446	0,00108746	0,00192422
0,00252416	0,00162076	0,00637913	0,00128906	0,0022117	0,0029461	0,00316363
0,00147932	0,00180397	0,00811551	0,00145924	0,00142153	0,00354831	0,00178436
0,00365692	0,00372774	0,00905335	0,00213274	0,00104034	0,00188897	0,0013648
0,00188794	0,00201538	0,00710339	0,00124561	0,00135799	0,00178499	0,00250293
0,00214139	0,00311467	0,00962905	0,00135785	0,00192581	0,00256917	0,00189528
0,00522935	0,00173351	0,00220995	0,00179599	0,00323219	0,00099214	0,00593662
0,00666729	0,00044395	0,00445703	0,00278089	0,0129486	0,00100947	0,006742
0,00261726	0,00219155	0,00584985	0,00212912	0,00503887	0,0022139	0,00107544
0,00324313	0,00166304	0,00533915	0,00053952	0,00167168	0,00177632	0,00180848
0,00409141	0,00140935	0,00195924	0,00117319	0,00327983	0,00105713	0,00265725
8,28E-05	0,00026073	0	8,69E-05	5,56E-05	0,00010831	0,00056424
0,00140691	0,00252274	0,00634198	0,00166564	0,00281129	0,00156403	0,00184223
0,00457245	0,00194491	0,00434561	0,00125647	0,00351808	0,00213592	0,00265725
0,00565866	0,00070468	0,00059427	0,00085816	0,00342278	0,00102247	0,0057389
0,00590177	0,0015221	0,00354705	0,00142665	0,00331557	0,00196695	0,0025608
0,00243105	0,0021845	0,00781838	0,00179237	0,00167168	0,00201461	0,00319256
0,00544142	0,00147982	0,00245137	0,00149183	0,00464974	0,00068453	0,0024547
0,00311382	0,00145868	0,02578578	0,00061556	0,00229906	0,00094448	0,00123459
0,00199657	0,00233248	0,00537629	0,00154614	0,0010999	0,00477441	0,00243541
0,00408624	0,00039462	0,00621199	0,00080023	0,00419708	0,00096615	0,0041185
0,00443796	0,00145164	0,00080784	0,00126371	0,00316865	0,00071919	0,00122494
0,00117932	0,00118386	0,00118854	0,00073143	0,00437576	0,00181098	0,00180365
0,00522417	0,00073991	0,00520916	0,00117681	0,00386353	0,0010138	0,00442715
0,00445865	0,00255093	0,00809694	0,00140131	0,00097283	0,00163335	0,00177472
0,00042931	0,00410122	0,00080784	0,00095955	9,53E-05	0,00615214	0,00035205
0,00261726	0,00192377	0,00390919	0,00101749	0,00397471	0,00114811	0,00148536
0,00147415	0,00355157	0,01110544	0,0016077	0,00145329	0,00159436	0,00150465
0,00086897	0,00104292	0,00309207	0,00102473	0,00041693	0,00193662	0,00551223
0,00251381	0,00138117	0,00651841	0,00165477	0,00120711	0,00606116	0,00173131

0,0027414	0,00178988	0,00429918	0,00165839	0,00291453	0,00282045	0,0041812
0,00338278	0,00213517	0,00367705	0,00118767	0,00177095	0,00246086	0,0032649
0,00263795	0,00243818	0,00411347	0,00170547	0,00353793	0,00263416	0,00271512
0,00164484	0,00217745	0,00599842	0,00106456	0,00225935	0,00191929	0,00245953
0,00184139	0,00329084	0,00464274	0,00179237	0,00075841	0,00252151	0,00124905
0,00835868	0,00047213	0,00107712	0,00103921	0,00423678	0,00249985	0,00534344
0,00096725	0,0062082	0,00215423	0,0022993	0,00077827	0,00244786	0,00267654
0,00120518	0,00157143	0,01357538	0,00221602	0,00108798	0,00160736	0,00198691
0,00988455	0,00012684	0,01134686	0,00099214	0,00212038	0,00025562	0,0078319
0,01311733	0,0005567	0,00248851	0,00125647	0,00227921	0,00130841	0,00446091
0,00367244	0,00066944	0,00398347	0,00047072	0,00109593	0,00234388	0,00198209
0,00119484	0,00200833	0,00143925	0,00143027	0,000679	0,00220091	0,0024113
0,00442244	0,00047213	0,00366777	0,00048883	0,00232686	0,00031194	0,00208336
0,00335692	0,00134593	0,00622127	0,00175616	0,00147315	0,00184564	0,00306717
0,0020276	0,00208584	0,00788337	0,00169098	0,00116343	0,00139506	0,00339511
0,00186208	0,00170532	0,0033892	0,00081109	0,002307	0,00364796	0,00239201
0,00621211	0,00272005	0,00231209	0,00094507	0,00384765	0,00074519	0,00136962
0,00247243	0,00057784	0,00296207	0,00095231	0,00148506	0,00191063	0,00407992
0,00268967	0,00096541	0,01026974	0,00148821	0,00176698	0,00126509	0,00173614
0,0021776	0,00070468	0,00407633	0,00150993	0,00148506	0,00107013	0,01644507
0,00489314	0,0006483	0,00329635	0,00141217	0,00262863	0,00095748	0,00408474
0,00321726	0,00139526	0,0045406	0,00117319	0,00151285	0,00207526	0,00288392
0,00514659	0,00147982	0,00241423	0,00151718	0,00349425	0,00184564	0,00247399
0,00429831	0,00121204	0,00197781	0,0012963	0,00283114	0,00266448	0,00266208
0,0113587	0,00069763	0,00130925	0,00078575	0,00240627	0,00087516	0,00717121
0,00233278	0,00063421	0,00071498	0,00053952	0,00110784	0,00054589	0,00142267
0,00321726	0,00121909	0,00354705	0,0019191	0,00287482	0,00262549	0,0066359
0,00692591	0,00154324	0,00164353	0,00095955	0,00434399	0,00071919	0,0012153
0,00777419	0,00029596	0,00015785	0,00053228	0,00161609	0,00077118	0,00404616
0,00259657	0,00152915	0,00444775	0,00165839	0,00387148	0,0012261	0,0025174
0,00252933	0,00136003	0,00040856	0,00050693	0,00177889	0,00193229	0,00358802
0,00381727	0,00176169	0,00693626	0,00128544	0,00262466	0,00149038	0,00096934
0,00493969	0,0016419	0,0076141	0,0009342	0,00122299	0,00243919	0,00215088
0,00133449	0,00178283	0,0062677	0,00133975	0,00232289	0,00156403	0,00250775
0,0023845	0,00186035	0,00966619	0,00117319	0,00121505	0,00133874	0,00132139
0,00147932	0,00033825	0,03416129	0,00030778	0,00013501	0,0001733	0,00095488
7,24E-05	0,00396733	0,00233994	0,00063729	6,35E-05	0,00266882	0,00092594
0,0036414	0,00063421	0,00275779	0,00059384	0,00316071	0,00222257	0,0041812
0,00739143	0,0010852	0,00156925	0,00043451	0,00181066	0,0018673	0,0046731
0,00392072	0,00078219	0,00523701	0,00081833	0,00181463	0,00073219	0,00244988
0,0021207	0,00082447	0,0104926	0,00106818	0,00098872	0,001746	0,00292732
0,0042052	0,00136707	0,0018571	0,00129268	0,0041256	0,00064554	0,00274406
0,00403968	0,00107111	0,00449417	0,0015389	0,00374441	0,00142106	0,00190975
0,00098277	0,00368546	0,0038999	0,0014701	0,00065914	0,00112212	0,00164451
0,00450003	0,00057784	0,00482845	0,00360646	0,00273187	0,00117844	0,00444644
0,00414313	0,00270596	0,00482845	0,00175254	0,0040859	0,00150338	0,00169756
0,00416382	0,00236067	0,00093783	0,00142665	0,00193772	0,00076252	0,00766794
0,00166553	0,00064126	0,00427132	0,00047434	0,00132226	0,0012261	0,00180848
0,00298968	0,00110634	0,00875621	0,00120578	0,00139373	0,00128242	0,00259456
4,66E-05	0,00496093	6,50E-05	0,00157511	6,35E-05	0,00126942	0,00084878

0,00327416	0,00221269	0,00215423	0,00080385	0,00272393	0,0011871	0,00316363
0,00240519	0,00116272	0,00779052	0,00077488	0,000814	0,00061955	0,00213641
0,0003	0,00019731	0,00091926	0,00111163	7,94E-05	0,00035526	0,00622116
0,00084828	0,00219859	0,01353823	0,0008473	0,0004209	0,00162035	0,00161075
0,00243622	0,00086675	0,00229351	0,00097403	0,00245789	0,00171567	0,00254151
0,00111725	0,00117681	0,00344491	0,00071333	0,00315674	0,0029331	0,00127799
0,00210519	8,46E-05	0,00233994	0	5,56E-05	0,0032537	0,00073786
0,00279312	0,00061307	0,0015971	0,00200962	0,00787001	0,00107013	0,00358802
0,00079656	0,0017476	0,00983333	0,00176702	0,00053208	0,00220091	0,00346263
0,0030983	0,00062012	0,00311992	0,00204583	0,00197346	0,00268615	0,00463452
0,00153622	0,00114158	0,00597057	0,00192272	0,00163992	0,00101814	0,00235825
0,00499141	0,00053555	4,64E-05	0,00082558	0,00747691	0,00069753	0,00190493
0,00040345	0,00053555	0,02190445	0,00062642	3,97E-06	0,00126509	0,00171202
0,00133449	0,00177579	0,00832908	0,00083644	0,00131829	0,00154237	0,00080537
0,00090001	0,00061307	0,0213009	0,00093058	0,00046458	0,00017763	0,00127317
0,00124139	0,00473543	0,00736339	0,00218705	0,00070679	0,00118277	0,00159146
0,00156208	0,00159962	0,0035192	0,00113698	0,00193772	0,00089249	0,00570514
0,0009569	0,00455926	0,01047402	0,00182134	0,00029384	0,00197128	0,00034241
0,00020173	0,0033754	0,00110497	0,01095336	0,00131035	0,0005199	0,00086325
0,00276726	0,00094427	0,0044106	0,00065901	0,00161609	0,00090549	0,00260903
0,00021207	0,00249456	0,00183853	0,00093783	0,00024222	0,00043758	0,00254151
0,00078104	0,00312877	0,00457774	0,00107904	0,00017471	0,00139073	0,00202067
0,00145863	0,00060602	0,0051163	0,00056849	0,00121505	0,001733	0,00133104
0,00275174	0,00231839	0,00156925	0,00240069	0,0020767	0,0008535	0,00325526
0,00404486	0,00183216	0,00207995	0,0012094	0,00540021	0,00068887	0,00177954
0,00207933	0,00225497	0,0038999	0,00105007	0,00055193	0,00191929	0,00099828
0,00209484	0,00095836	0,00176424	0,00064091	0,00209258	0,0012001	0,00230038
0,00222415	0,00097245	0,0036492	0,00250932	0,00304953	0,00193229	0,00247399
0,00017069	0,00222678	0,00024142	0,00036572	0,00101651	0,001707	0,00120565
0,00710695	0,00158552	0,00705697	0,00132889	0,00437576	0,00030327	0,00305271
0,00030518	0,00150096	0,00156925	0,00064091	0,00026207	0,0012001	0,00081502
0,00148449	0,00065535	0,00343563	0,00248759	0,00112769	0,0006932	0,00418602
0,00242071	0,000754	0,00087284	0,00073505	0,00366103	0,00078851	0,00180848
0,00094139	0,00045099	0,00171781	0,00061556	0,00219185	0,00192363	0,00164933
0,01450355	0,00029596	0,00054784	0,00033675	0,00308924	0,00044191	0,00299966
0,00275174	0,00092313	0,00186638	0,00162943	0,00450679	0,00187597	0,00227627
0,00023276	0,00032415	0	0	0,0002581	4,33E-05	0,00012539
0,00305175	0,00275529	0,00208923	0,00200238	0,00125078	0,00169834	0,00261867
0,00381727	0,00081743	0,00131854	0,00065539	0,00209258	0,00105713	0,00199173
0,00081725	0,00137412	0,00598914	0,00095593	0,0009371	0,00106579	0,0018133
0,0031345	0,00171941	0,00649984	0,00137234	0,00169948	0,0010268	0,0005546
0,00146898	0,00236067	0,00368634	0,00169098	0,00133814	0,00099647	0,00220875
0,00062587	0,00264254	0,00732625	0,00063367	0,00044472	0,00056756	0,00191457
0,0011638	0,00209994	0,00103069	0,00112611	0,00091724	0,00096615	0,0006607
0,00338278	0,00028892	0,00030642	0,00066625	0,00114755	0,00021229	0,00117189
0,00201726	0,00169123	0,00412275	0,00209653	0,00105622	0,00106579	0,0039256
0,00139139	0,00143049	0,00481917	0,00056125	0,00072665	0,00133441	0,00076679
0,00078621	0,00051441	0,00693626	0,00388527	0,00068694	0,00046358	0,00344816
0,00097242	0,00063421	0,00357491	0,00110801	0,00041693	0,00094882	0,0018133
0,00179484	0,00207175	0,00729839	0,00053952	0,00258098	0,00061955	0,00075715

0,00133966	0,00430558	0,00219137	0,00282072	0,00056385	0,00107879	0,00598967
0,00260692	0,00041576	0,00386276	0,00026795	0,00148506	0,00123476	0,00314434
0,00441727	0,00026073	0,00023214	0,00103197	0,01645873	0,00014297	0,00027007
0,00185174	0,00114862	0,00395562	0,00155701	0,00175507	0,00048957	0,00348192
0,00087414	0,00090903	0,00277636	0,00059384	0,0005559	0,00172433	0,00098381
0,00211553	0,00098655	0,00481917	0,00113698	0,00089739	0,00078418	0,00159628
0,0035483	0,00045804	0,00094712	0,0012275	0,0020489	0,00135607	0,00278264
0,00176898	0,00034529	0,00280422	0,00033313	0,00087356	0,00372594	0,00379539
0,00310864	0,00155029	0,00506059	0,00107904	0,00094107	0,00081018	0,00113331
0,00380175	0,00106406	0,00254422	0,00103921	0,00114755	0,00290277	0,00552188
0,00256036	0,00052146	0,00170853	0,0003983	0,00082194	0,00082751	0,00095488
0,00267416	0,00084561	0,00139282	0,00082558	0,00331954	0,00198428	0,00167827
0,00190346	0,00058488	0,00379776	0,00093058	0,00204096	0,00107446	0,00203514
0,00192932	0,00193082	0,00074284	0,00033313	0,00061547	0,00015597	0,0013021
0,00162415	0,00796285	0,00131854	0,00171633	0,00063135	0,00035526	0,000897
0,00135001	0,00083152	0,00234923	0,00064091	0,00101254	0,00172867	0,00159628
0,00291726	0,00112748	0,00211709	0,00112611	0,00155256	0,0006802	0,00132622
0,0012207	0,00094427	0,00129068	0,00055763	0,00044075	0,00136474	0,00244024
0,00080173	0,00058488	0,00557129	0,00055401	0,00086959	0,00135607	0,00102239
0,00098277	0,00128251	0,00376062	0,00085092	0,00046061	0,00170267	0,00095005
0,00284485	0,00128956	0,00596128	0,00048883	0,00072268	0,00064987	0,00151912
0,00227588	0,00089494	0,00298064	0,00099576	0,00086165	0,00165068	0,00115742
0,00134484	0,00071172	0,0051163	0,00107542	0,00059958	0,00080584	0,00156252
0,00143277	0,00038053	0,00199638	0,00052866	0,00089739	0,00086217	0,00169756
0,00034138	0,00045804	0,00020428	0,00020277	0,00062341	0,00278146	0,00202067
0,00179484	0,00147278	0,01054831	0,00038744	0,00048443	0,00041592	0,00023631
0,00252933	0,00016912	0,00158782	0,00012673	0,00254525	0,00027728	0,00062694
0,00048104	0,00015503	0,00384419	0,0001376	0,00127858	0,0007062	0,00194833
0,00073966	3,52E-05	0,00041785	0,00011225	0,00077032	0,00025995	0,00080055
0,00144311	0,00126137	0,00232137	0,00090524	0,00125873	0,00077552	0,00275371
0,00165001	7,05E-05	0,00027856	8,69E-05	0,00054399	9,10E-05	0,00035205
0,00066725	0,00200128	0,00069641	0,0021617	0,00070282	0,00042892	0,0007041
0,00271036	0,00046509	0,00151353	0,00033675	0,00134608	0,00072353	0,00163004
0,00265347	0,00124728	0,00105855	0,00082196	0,00096489	0,00054156	0,00111402
0,00170691	0,0002114	0,00183853	0,0002245	0,00101651	0,0005069	0,00568585
0,00278278	0,00175465	0,00063141	0,00125647	0,00186625	0,00052423	0,00106097
0,00143277	0,00031711	0,00621199	0,00048159	0,00181463	0,00026862	0,00105133
0,0010138	0,00078219	0,00191281	0,00147373	0,00203699	0,00061521	0,00124423
0,00214139	0,00088085	0,00157853	0,0006916	0,00099269	0,00088383	0,00169273
0,00126725	0,00032415	0,00133711	0,00051055	0,00096092	0,00097048	0,00501551
0,00071897	0,00136707	0,00285064	0,00017018	0,00031766	0,00090549	0,00048708
0,00111725	0,00139526	0,00162496	0,00259984	0,00032163	0,00117844	0,00064141
0,00292243	0,00028187	0,00099355	0,00048521	0,00051223	0,00090549	0,00267654
0,00166553	0,0006483	0,00027856	0,00130354	0,00274776	0,00054156	0,00073304
0,00042931	0,00041576	0,00178281	0,0010899	0,00160021	0,0018673	0,00048708
0,00043449	0,00072582	0,00485631	0,00039468	0,00039707	0,00125642	0,00147572
0,00018104	0,00020436	0,00608199	0,00031864	0,00041296	0,00056322	0,00075233
0,00176898	0,00040167	0,00097498	0,00073143	0,00052811	0,00042892	0,00099346
0,00033621	0,00085266	0,00097498	0,00081833	0,00082592	0,00062388	0,00058354
0,00011897	0,00088085	0,0005107	0,00052142	0,00024619	0,00264715	0,00010128

0,00129829	0,00035234	0,00056641	0,00039468	0,00114357	0,00032494	0,0007475
0,00146898	0,00104292	0,00112354	0,00089075	0,0013302	0,00084917	0,00050155
7,24E-05	0,00069763	0,00023214	0,0002933	0,00217994	0,00027295	0,00011574
0,00091035	0,00106406	0,00256279	0,00078937	0,00098474	0,0006672	0,00118636
0,00112242	0,00065535	0,00321278	0,00080747	0,0005162	0,00094015	0,00101275
0,00423106	0,00029596	0,00061284	0,00044538	0,00064326	0,00037693	0,00081502
0,00084828	0,00146573	0,00075212	0,0003621	0,00291056	0,0003466	0,00047262
0,00034655	0,00023959	0,00964762	0,00017018	0,00070679	0,0001863	0,0022618
0,00064138	0,00166304	0,00162496	0,00125647	0,00082592	0,00062821	0,00018326
0,00189312	0,00104292	0,0007707	0,00070246	0,00073459	0,00100514	0,00114296
0,00124139	0,00031711	0,0010214	0,00016294	0,00071076	0,0008665	0,00065105
0,00036724	0,00539078	0,00047356	0,00185755	0,00011118	0,00032927	0,00047744
0,00039828	2,11E-05	0,00014857	3,62E-05	0,00020251	5,63E-05	0,00030382
6,21E-05	0,00312172	0,00041785	0,00129268	0,00010324	0,00090982	0,00073786
0,00281899	0,00019026	0,00048285	0,00024622	0,00169154	0,00023396	0,00067034
0,0008069	0,00018322	0,00012071	0,00021726	0,00391515	0,00026862	0,00029418
0,00250864	0,00090903	0,0007057	0,00065177	0,00106019	0,00053723	0,00064623
0,0009207	0,00081743	0,00038071	0,00049607	0,00171933	0,00020363	0,00122494
0,00065173	0,00062716	0,00479131	0,0009161	0,00030178	0,00071919	0,00048226
0	0	0	0,00327696	0,0001628	0	0,00407992
0,00022242	0,001205	0,00416918	0,00044538	0,00026207	0,00038126	0,00055942
0,00013966	7,05E-05	0,00176424	0,00103197	0,00027795	0,00034227	0,00032311
0,00077587	0,00040871	0,00183853	0,00052866	0,00109195	0,00049824	0,00259456
0,00140691	2,82E-05	0,00021357	1,09E-05	0,00096489	0,00062388	0,00132139
2,59E-05	0	0	1,81E-05	1,99E-05	0,00025995	4,82E-06
0,01071732	8,46E-05	0,00021357	6,52E-05	7,94E-06	0	0,00139855
0,00024311	0,00134593	0,00154139	0,00060108	0,00017471	0,00031627	0,00010128
0,00081208	0,00017617	0,00763267	0,00061918	0,00036531	0,00028595	0,00079573
0,00011897	0,00092313	0,00063141	0,00018105	0,00033354	0,00024695	0,00363142
0,0008638	0,00242409	0,00063141	0,00058297	0,00070282	0,00032494	0,00038581
0,00035173	0,00023254	0,00142068	0,0006047	0,00073856	0,00073652	0,00216535
0,00036207	0,00085971	0,00206138	0,00034399	0,00052017	0,00040725	0,00030865
7,24E-05	7,05E-05	0,00076141	0,00018467	0,00019457	0,00057622	0,00212194
0,00042414	0,0025157	0,00080784	0,00078575	0,00107607	0,00064987	0,00079573
0,00139656	0,00059193	0,00011143	0,00027881	7,54E-05	0,00031627	0,00233896
0,00017069	0,0011909	0,00010214	0,00027881	3,97E-05	0,0005329	4,82E-05
8,79E-05	0,00616592	9,29E-06	0,00126009	1,99E-05	0,00026428	0,00016879
0,00047587	7,05E-05	0,00181995	0	0,00160815	0,00015164	0,00483225
0,00116897	0,00084561	0,00317564	0,00047797	0,00011515	0,00014297	0,00096934
9,31E-05	0,00012684	0,00098426	0,00047072	0,00117137	0,00179365	0,00014468
0,00113794	0,00144459	0,00131854	0,00076764	0,00049634	0,00026862	0,00138891
0,00036207	0,00160666	0,00242351	0,00077488	0,00021442	0,00040725	0,00047262
9,31E-05	0,00026778	0,00539487	0,00048521	8,34E-05	3,03E-05	0,00091147
0,00011379	5,64E-05	0,00197781	0,00071333	0,00032957	0,00029028	0,00064141
0,00029483	0,00019731	0,00456846	0,00056487	0,00038119	0,0003206	0,00072339
0,00014483	0,00147278	0,0007057	0,00279175	0,000814	0,00034227	9,65E-06
0,00058449	0,0008738	0,00014857	0,00051417	0,00026604	0,00014297	0,00021702
0,00035173	0,00168418	0,00312921	0,00074954	0,00011118	0,00040292	0,00013021
0,00116897	0,00159962	0,00082641	0,00063729	0,00076238	0,00029894	0,00071857
0,00186725	0,00042985	0,00079855	0,00049245	0,00150888	0,00010398	0,00043886

0,00042931	0,00044395	0,00240494	0,0006047	0,00011118	0,00044191	0,00057871
0,00175346	0,00029596	0,00039928	0,0003621	0,00077827	8,23E-05	0,00016397
0,00039828	0,0003312	0,00061284	0,00118767	0,00097283	0,00030761	0,00088736
0,00015	3,52E-05	0,00443846	0,00021726	0,00083386	1,73E-05	0,00058354
0,00103449	0,00081743	0,00072427	0,00065177	0,00054002	0,00050257	0,00054013
0,00037759	0,00081743	0,00163425	0,00064453	0,00056385	0,00025995	0,00048226
0,00041897	0,0005567	0,00122568	0,00045624	0,00026207	0,00062388	0,0004051
0,00048104	0,00105702	0,00011143	0,00030416	0,00233083	0,00023396	0,00017844
0,00133449	0,00028187	0,00048285	0,00018829	0,00036134	0,00113511	0,00174578
0,00140173	7,75E-05	4,64E-05	6,88E-05	0,0017233	1,73E-05	0,00012057
0,0007707	0,00015503	0,00061284	0,00045624	0,00049237	0,00056322	0,00075233
0,00070345	0,00024664	0,00063141	0,00026433	0,00079415	0,00037259	0,00110438
1,55E-05	0	0	3,26E-05	1,99E-05	1,30E-05	0,00881571
0,00028449	0,00069058	0,00248851	0,00090524	0,00039707	0,00072786	7,72E-05
0,00099828	0,00069058	0,00023214	0,00022812	0,00095695	0,00045924	0,00102721
0,00222933	1,41E-05	0,00407633	0,00044538	0,00030972	3,47E-05	0,00039545
0,00013448	0,00093017	0,00111426	0,000449	1,19E-05	0,00078418	0,00028936
0,00054311	0,00014798	0,00085426	0,00020277	0,00092915	0,00035526	0,00052084
0,00013448	9,87E-05	0,00053856	0,00015208	0,00011912	9,96E-05	0,008237
0,00034138	0,00036643	0,00337992	0,00023174	4,37E-05	0,0003336	0,00020255
5,17E-05	0,00381935	4,64E-05	0,00187203	6,75E-05	3,03E-05	3,86E-05
0,00057414	0,00032415	0,00125354	0,00098852	0,00054002	0,00041592	0,00116707
0,00045518	0,00162076	0,00018571	0,00115146	0,00037722	0,00019063	0,00135033
0,00069311	0,00031006	0,00038071	0,00038744	0,00106019	0,00042025	0,00048708
0,00013448	0,00100064	0,0012814	0,00168374	0,0002303	0,00023829	0,00086807
0,00029483	0,00133889	0,00157853	0,00052504	0,00021442	0,00029894	0,00027007
0,00010862	0,0003312	0,00107712	0,00038744	0,00040899	0,00012564	0,00060283
0,0003	0,0025157	0	0,00126009	0,00011912	0,00010398	0,00021219
0,00069311	0,00073286	0,00086355	0,00060832	0,00039707	0,00048957	0,00026042
0,00118449	0,00017617	0,00022285	0	0,0002581	0,0003596	0,00149018
0,00153622	0,00023959	0,0007057	0,00036934	0,00044869	0,00047224	0,00024595
0,00049138	0,00031711	0,00111426	0,00060108	0,00039707	0,00031194	0,0008536
0,00024828	0	1,86E-05	0,00097041	1,59E-05	0,00129108	0,00023631
2,07E-05	2,82E-05	0,0028135	0,00555091	4,76E-05	8,23E-05	7,72E-05
0,00018104	0,0001198	0,00071498	4,35E-05	4,76E-05	3,47E-05	0,00253187
0,00028449	0,00159257	0,0016621	0,00069522	0,00017868	0,00025995	9,16E-05
0,00038276	0,00021845	0,00244208	0,0002426	0,00032163	0,00030761	0,00027971
0,00025345	0,0002255	0,00046427	0,00012311	0,00083783	0,0003206	0,00162522
0,00043449	0,00052851	0,00029714	0,00035123	0,00011515	0,00021229	4,34E-05
0,00024311	0,00069763	0,00099355	0,00027519	0,00018265	0,00042892	0,00027971
3,10E-05	3,52E-05	0,00027856	0,00011587	0,00036531	0,00045924	0,00011574
0,00067759	0,00056374	0,00021357	0,00043089	0,00043678	0,00028595	0,00039545
0,00013448	0,00145868	0,00135568	0,00069884	0,00010721	0,00029028	0,00011092
7,24E-05	0,00042985	0,00105855	0,00059021	0,00015883	8,66E-05	0,0005112
0,00011379	0,00145164	0,00119783	0,00077488	9,53E-05	0,00019063	0,00018326
0	4,93E-05	3,71E-05	0,0002245	0	6,93E-05	5,79E-05
0,00032069	0,00032415	0,00393704	0,00023536	0,0001628	0,00015164	3,38E-05
0,00019138	0,00053555	0,00132782	0,00097766	0,00035737	0,00023829	0,0008536
0,00021724	0,00032415	0,00182924	0,00037658	0,00013104	0,00034227	0,00022184
0	6,34E-05	0,00579414	4,71E-05	3,97E-06	0,00111778	1,45E-05

0,00342416	0	0	0	7,94E-06	0	0
0	0	0	0	0	0	4,82E-06
0,0003569	0,00104292	0,00188495	0,00042727	0,00014692	0,00043325	0,00012057
0,00071897	0,00040167	0,00010214	0,00041641	0,00034148	0,00022096	0,00054013
0,00011897	5,64E-05	0,00176424	0,00081471	0,00049634	0,0001603	3,38E-05
0	0	0,00181995	0	0	0	0,00020737
4,14E-05	0,0001057	0,00146711	6,88E-05	2,38E-05	0	0
0,00039828	0,00133184	0,00058499	0,00058659	0,00033354	8,23E-05	0,00024113
0,00030518	0,00038053	0,00022285	0,00043451	0,00083386	0,00015164	0,00042439
8,28E-05	0,00105702	0,00013928	0,00038744	0,00015883	0,00018197	0,00058354
6,21E-05	1,41E-05	1,86E-05	2,53E-05	5,96E-05	8,66E-06	0,00141302
0,0010707	7,75E-05	0,00162496	0,00132527	0,00053605	9,10E-05	4,34E-05
0,00019138	0,00031711	0,00012071	0,0001557	5,56E-05	0,00014297	0,00042921
0,00022242	9,87E-05	0,00024142	8,33E-05	0,00084577	2,17E-05	3,86E-05
0,00125173	3,52E-05	6,50E-05	0,00012311	0,00071473	4,77E-05	0,00049673
0,00046552	5,64E-05	0,00011143	0,00020277	0,00036928	0,00024695	0,00053531
0,00021207	0,00026778	0,00077998	0,00121664	0,00015089	0,00025562	0,00077162
1,55E-05	0,00041576	0,0005107	0,00070246	4,76E-05	1,73E-05	0,00012539
0,00018104	0,00042985	0,0005757	5,79E-05	1,19E-05	0,00022096	5,30E-05
0,00049138	0,00067649	0,00160639	0,00027519	0,00066709	4,77E-05	0,00031829
0,00017069	0,00124728	0,00097498	0,00070246	6,35E-05	0,00016464	0,0001061
0,00028449	7,05E-06	0,00049213	2,17E-05	0,00030575	0,00054589	0,00113331
0	0,00071172	5,57E-05	0,00280623	7,94E-06	6,93E-05	0,00034723
0,00020173	0,00012684	0,00024142	0,00014122	0,00023825	0,00014297	0,00153359
0,00017586	0,00018322	0,00016714	9,78E-05	8,74E-05	0,00036393	7,72E-05
0,00043966	0,00014798	0,00014857	0,00035847	0,00030972	0,0003466	6,75E-05
0,00051207	7,05E-05	0,00105855	8,69E-05	0,00044869	0,00036826	8,20E-05
9,83E-05	0,0001057	0,00135568	0,00056487	0,00023427	9,96E-05	0,00043886
0,00037242	0,00014798	0,00022285	0,0001557	0,00038119	0,00012998	0,00041474
0,00029483	0,0001057	0,00036213	0,00017381	0,00029781	9,96E-05	0,0004485
0	0	0,00422489	0	7,94E-06	1,30E-05	0,00021219
0,00043449	0	0	7,24E-06	0,00018663	0	3,86E-05
0,00015	0,00020436	0,00011143	1,45E-05	0,00029384	0,00013431	0,00062212
0,00040862	9,16E-05	0,00023214	7,60E-05	0,0002303	0,00024262	0,00025078
0,00024828	0,00016208	0,00088212	0,00024622	0,00023427	0,00022096	0,00041957
0,00041897	0	9,29E-06	7,24E-06	0	0,00022962	1,93E-05
0,0002638	0,0001198	0,00025071	0,00017743	0,00014692	0,00029028	0,00020255
0,00046035	0,00015503	0	0,00018829	0,00018265	6,07E-05	0,00249811
0,00103449	7,05E-06	0	3,62E-06	0,00030972	1,30E-05	0,00014468
0,00026897	2,82E-05	0,00048285	0,00065539	0,00011118	0,00013864	0,00162522
0,00023793	0,00052146	0,00066856	0,00012673	0,00027398	0,00012131	7,72E-05
0,00014483	0,00029596	0,00097498	0,00019191	6,75E-05	0,00011698	0,00054978
7,76E-05	0,00019731	0,00025071	0,00011225	2,38E-05	0,00019063	0,00013021
0,00015517	0,00014094	0,00021357	0,00015208	0,00010721	0,00011698	0,00040992
8,28E-05	0,0001057	0,00045499	0,00032226	9,93E-05	6,93E-05	0,00012057
0,00048104	0,00060602	0,00024142	0,0002245	0,00014692	0,0001863	0,0001495
5,17E-05	0,00061307	5,57E-05	0,00012311	1,99E-05	7,80E-05	0,00016397
0,00011379	0	0,00214495	9,41E-05	5,96E-05	0,00018197	4,82E-05
2,07E-05	0,00018322	0,00035285	0,00060832	3,97E-05	7,80E-05	1,45E-05
0,00032069	0,00028187	0,00021357	0,00016656	0,00059958	6,07E-05	9,65E-05

4,14E-05	0,00027482	0,00025071	0,00015932	0,0005837	4,33E-05	0,0001061
0,0003	0,00067649	4,64E-05	0,00027519	0,00011515	0,00010831	0,00056424
7,24E-05	0,00091608	0,00094712	0,00010139	5,56E-05	0,0001863	1,93E-05
6,72E-05	0	0,00022285	5,79E-05	1,19E-05	1,30E-05	5,30E-05
1,55E-05	0,00052851	5,57E-05	9,41E-05	0	6,50E-05	7,23E-05
0,00025862	0	0,0005757	0,00011949	0,00040899	2,60E-05	0,00058836
0,00037759	0,00031711	4,64E-05	0,00026795	0,00030972	0,00013864	0,00043403
0,00019138	0,00021845	0,00035285	0,00014484	3,97E-05	8,66E-05	0,00204961
0,00011379	4,23E-05	0,00034356	0	1,99E-05	5,63E-05	6,75E-05
4,14E-05	0,00084561	0,00073355	0,00041641	5,16E-05	0,00012131	5,30E-05
0,00024828	0,00018322	0,00023214	0,00012311	0,00032957	0,00035526	0,00022184
0,00023276	0,00033825	0,00013928	0,0003802	1,99E-05	2,60E-05	2,41E-05
4,14E-05	0,00023254	0,00029714	0,00015208	1,19E-05	0,00011698	4,82E-06
0,0002069	4,93E-05	0,00017642	4,71E-05	0,00021839	0,00015597	0,00038099
0,00015	5,64E-05	0,00054784	0,00014122	0,00014692	3,03E-05	0,00042439
5,17E-05	0	0,00018571	0,00012311	7,94E-06	0	4,34E-05
0,00011379	0,00023254	4,64E-05	0,00048159	3,97E-05	6,07E-05	3,86E-05
1,03E-05	0,00017617	0,00041785	0,00013398	1,99E-05	0,00023396	4,82E-05
0,00024828	7,05E-05	0,00043642	0,00010139	0,00021442	0,00023396	0,00016397
0,00024311	6,34E-05	0,00013928	0,00015208	6,35E-05	7,80E-05	0,00045332
6,72E-05	8,46E-05	0,00022285	4,35E-05	1,19E-05	0,00029028	0,00015432
0,00045	9,16E-05	0,00035285	0	0,00015089	0,00015164	0,00016879
5,69E-05	0,00013389	0,00059427	0,00018829	3,97E-05	5,20E-05	0,00081984
2,07E-05	6,34E-05	3,71E-05	8,69E-05	4,76E-05	4,33E-05	9,65E-06
0	0	0	0	0	0	0
0,00140173	0	9,29E-06	2,90E-05	0,00017074	3,03E-05	0,00037616
0	0,00064126	0,00103069	1,81E-05	2,38E-05	0,00012564	0
5,17E-05	5,64E-05	0,00010214	0,00011225	4,37E-05	4,33E-06	3,86E-05
0,00016035	0,00028187	0,00089141	0,00018105	6,75E-05	0,00010831	4,34E-05
0,00013966	1,41E-05	0,00013	5,43E-05	0,00015486	4,77E-05	0,00017361
4,14E-05	0	1,86E-05	5,07E-05	7,94E-06	4,77E-05	5,79E-05
3,62E-05	0	0	0	0	0	1,93E-05
0,00018104	4,23E-05	3,71E-05	0,00012673	6,35E-05	5,63E-05	0,0007041
0,00038276	7,05E-06	0,00013	5,43E-05	0,00069091	3,03E-05	0,00016397
6,21E-05	0	0,00144854	0,00042003	7,54E-05	3,47E-05	0,00018326
1,55E-05	0,00035234	0,00053856	0,00052142	3,57E-05	4,77E-05	4,82E-05
3,62E-05	0,00056374	0,00074284	0,00015932	2,38E-05	6,93E-05	3,86E-05
1,55E-05	0,0003312	1,86E-05	5,79E-05	1,59E-05	4,33E-06	9,65E-06
0	0,00038757	0	0,00029692	0	6,07E-05	0,00035205
0,00015517	2,82E-05	0,00081712	4,71E-05	3,57E-05	3,90E-05	0,00048226
0,00011379	7,05E-05	0,00016714	8,69E-05	5,16E-05	7,37E-05	5,79E-05
0,00020173	0,00038757	0,00026928	0,00011587	6,35E-05	0,00010398	5,79E-05
0,00015	0,0002114	0,00032499	2,17E-05	0,00012706	0,00015164	0,00016397
0,00015517	0	9,29E-05	0,00010139	0,00043678	9,10E-05	0,00022184
0,00053794	0,00036643	0,00010214	0,00031502	1,19E-05	3,47E-05	0,00015915
4,66E-05	3,52E-05	5,57E-05	5,07E-05	0,00010721	3,90E-05	8,20E-05
7,76E-05	4,23E-05	0,00010214	5,79E-05	5,16E-05	1,73E-05	7,23E-05
2,07E-05	9,16E-05	0,00011143	5,07E-05	1,59E-05	2,17E-05	3,86E-05
0,00010345	4,23E-05	0,00090998	7,24E-06	0,00041296	0	9,65E-06
4,66E-05	6,34E-05	0,00034356	2,53E-05	4,76E-05	0,00013431	8,20E-05



0,00015517	4,23E-05	0	2,90E-05	0,00028192	4,33E-05	0,00013503
8,28E-05	0,00016912	2,79E-05	0,00017381	1,99E-05	0,00012131	0,00027007
4,14E-05	6,34E-05	0,00031571	0	1,59E-05	0,00012564	1,45E-05
0	0,00014094	0	0,00096679	0	3,90E-05	0,00013021
9,31E-05	0,00011275	5,57E-05	0,0002933	3,97E-06	0,00011265	6,27E-05
0	0	0	0	0	0,00012998	0
4,66E-05	0,00020436	9,29E-06	0,00021002	2,78E-05	3,90E-05	0,00017361
0	2,11E-05	0	0	0	0	4,82E-06
6,21E-05	0,00013389	9,29E-06	5,79E-05	2,38E-05	8,66E-06	4,82E-06
0,00010345	0	0,00010214	2,90E-05	0,00023427	4,77E-05	0,0001061
0	0,00029596	0	0	0	0	0,00091147
0	0	0	2,90E-05	0	0	0
5,17E-05	3,52E-05	6,50E-05	8,69E-05	8,74E-05	6,50E-05	0,00040028
1,03E-05	9,16E-05	1,86E-05	3,98E-05	1,19E-05	8,66E-06	3,38E-05
8,28E-05	7,05E-05	0	9,41E-05	2,38E-05	4,77E-05	3,38E-05
2,07E-05	0,00028187	0,00014857	0,00017743	0	0	5,30E-05
0,00031552	0	0	7,24E-05	9,93E-05	4,33E-05	2,41E-05
2,07E-05	1,41E-05	0	0	1,59E-05	8,66E-06	1,45E-05
0	3,52E-05	7,43E-05	0	3,97E-05	0,00011698	8,68E-05
1,55E-05	0,00013389	0,00027856	0	6,75E-05	3,03E-05	7,72E-05
0	0,00024664	0,00027856	0,00012311	7,94E-06	0	4,34E-05
5,17E-06	2,82E-05	0,00010214	7,97E-05	2,38E-05	5,20E-05	0,00011092
4,66E-05	0	0	0	1,99E-05	1,30E-05	1,93E-05
4,66E-05	0	0,00010214	0	7,15E-05	0	3,86E-05
4,14E-05	0,00017617	0,00017642	5,43E-05	0	2,60E-05	4,82E-06
0	0	3,71E-05	0	0	0	1,93E-05
0	9,16E-05	5,57E-05	2,53E-05	0,00060752	0	9,65E-06
6,72E-05	2,82E-05	0,00023214	2,17E-05	7,94E-06	0	2,41E-05
3,62E-05	1,41E-05	0,00018571	9,41E-05	6,75E-05	1,73E-05	3,38E-05
1,55E-05	0	0	1,45E-05	0	1,73E-05	0
0	2,82E-05	0,00017642	2,53E-05	1,59E-05	0	4,82E-05
7,76E-05	2,11E-05	4,64E-05	4,35E-05	5,56E-05	9,96E-05	3,86E-05
0	0	0	0	0	0	0
4,14E-05	0	0,00014857	0,00014846	1,19E-05	1,73E-05	4,82E-05
1,55E-05	2,82E-05	9,29E-05	1,09E-05	0,00011515	0	8,20E-05
0	0	0,00038999	0	0	3,90E-05	3,38E-05
5,17E-06	0,00015503	0	0	3,97E-06	8,66E-06	4,82E-06
4,66E-05	2,82E-05	2,79E-05	5,07E-05	1,99E-05	8,66E-06	2,41E-05
0	0	0	0	0	0	0
2,59E-05	7,05E-06	5,57E-05	7,24E-06	2,78E-05	4,33E-06	1,45E-05
1,03E-05	3,52E-05	8,36E-05	4,35E-05	3,97E-06	0	0,00020255
1,03E-05	2,11E-05	0	0	0	0	1,93E-05
0	7,05E-06	0	2,17E-05	0	0	4,82E-06
0	0	0	6,88E-05	0	0	0
0	0	0,00017642	3,98E-05	0	0	9,65E-06
0	0	0	0	0	0	0
1,55E-05	2,11E-05	8,36E-05	1,81E-05	1,19E-05	8,66E-06	9,65E-06
4,66E-05	4,23E-05	0	0	1,99E-05	0	5,30E-05
5,69E-05	0	3,71E-05	0	4,76E-05	0	0,00010128
0	0	0	3,26E-05	7,94E-06	0	0

0	5,64E-05	0,00024142	2,17E-05	0	0	0
2,59E-05	2,82E-05	1,86E-05	0	1,19E-05	2,17E-05	3,38E-05
0	4,93E-05	0	0	0	0	0,00020737
3,10E-05	7,05E-05	4,64E-05	0	0	4,77E-05	9,65E-06
2,07E-05	0	0	0	0	0	4,82E-06
0,00027414	0	0	0	3,97E-06	0	0
3,10E-05	0	0	0	4,76E-05	0	0
0	0	0	0	1,19E-05	0	0,00018326
5,69E-05	0	0	0	1,19E-05	8,66E-06	0
0	0	9,29E-06	1,45E-05	0	0	3,86E-05
0	0	5,57E-05	0	4,76E-05	0	1,93E-05
5,17E-05	0	5,57E-05	1,09E-05	3,18E-05	4,33E-06	9,65E-06
5,17E-06	1,41E-05	5,57E-05	1,09E-05	0	4,33E-06	0
4,14E-05	0	0	0	5,56E-05	1,30E-05	1,45E-05
1,03E-05	0	0	0	0	0	0
1,55E-05	0	0	0	1,19E-05	0	0
2,07E-05	2,82E-05	1,86E-05	0	0	2,60E-05	9,65E-06
0	0	0	0	0	0	1,93E-05
0	0	0	0	0	0	0
2,07E-05	7,05E-06	0	0	0	0	2,89E-05
0	0	0	0	1,19E-05	0	1,93E-05
0	0	0	3,62E-05	7,94E-06	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	1,45E-05	0	0	1,45E-05
0	0	0	0	2,78E-05	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0

ICGC_0455	ICGC_0437	ICGC_0456	ICGC_0457	ICGC_0459	ICGC_0492	ICGC_0491
1	0,17094519	1	1	0,07240624	0,61735639	1
0,49276957	0,71309199	0,38412884	0,06502333	0,06857946	1	0,40595196
0,01058657	1	0,14894095	0,00383926	0,0088161	0,37414242	0,25540634
0,63222844	0,09097307	0,26420589	0,13335921	0,016205	0,28373884	0,57207198
0,00757322	0,10747003	0,00614067	0,00137028	1	9,00E-05	0,56487957
0,60124998	0,05961542	0,08696454	0,07434785	0,0080928	0,01732318	0,13850555
0,54368553	0,02666186	0,12561078	0,08818236	0,00676931	0,07792899	0,18760099
0,24498972	0,04533524	0,17180733	0,10274523	0,00791006	0,12973813	0,17745185
0,63955454	0,02470508	0,11396122	0,12500857	0,00902255	0,10359296	0,14630993
0,14187433	0,12926349	0,01082241	0,07838463	0,00460157	0,0370411	0,42070123
0,36863252	0,02598943	0,05835555	0,15523712	0,00304288	0,03371773	0,28357778
0,0030532	7,17E-05	3,47E-05	0,00043893	5,75E-06	0,00101868	0,00189093
0,16617241	0,06002111	0,07791148	0,04425235	0,00349243	0,07290312	0,07595355
0,41011782	0,02149759	0,08758902	0,09592948	0,00700186	0,08626415	0,13393293
0,39675707	0,0242299	0,12152248	0,06987488	0,01502233	0,09732611	0,10462694
0,07464805	0,05717001	0,06976774	0,02139783	0,00784587	0,13859389	0,03945514
0,12396964	0,05117193	0,07078114	0,01169748	0,00339759	0,09104519	0,09561235
0,30566318	0,03086006	0,09058723	0,06845384	0,00616193	0,08096814	0,11005907
0,42065656	0,04876239	0,05613885	0,10190852	0,0052238	0,10859349	0,08602705
0,11402082	0,01160614	0,17413359	0,03911962	0,00135511	0,03410044	0,34357187
0,29274087	0,04071565	0,03248001	0,03100902	0,00019927	0,01416865	0,04533421
0,22254907	0,01822062	0,0699759	0,03812791	0,00435464	0,04926807	0,07600855
0,12807513	0,02276176	0,0533141	0,02225648	0,00327544	0,07847491	0,15583335
0,11032987	0,03276304	0,03706132	0,00618205	0,00985147	0,07933882	0,10061816
0,23672295	0,00822158	0,01657415	0,11296132	0,00122721	0,00875727	0,14978237
0,17380144	0,01457604	0,03413432	0,01335581	0,0020535	0,02060153	0,05399812
0,00039859	0,00027121	0,00010591	0	1,44E-06	0,00012382	0,00195969
0,11048931	0,01391706	0,08494321	0,0102106	0,00354584	0,05836021	0,01049983
0,00073341	0,00049312	0,02807399	0,00028805	3,28E-05	0,00171375	0,03667719
0,10615264	0,00946109	0,02719205	0,00317538	0,00282877	0,01438252	0,03795614
0,01662123	0,07507683	0,07129423	0,00382555	8,89E-05	0,04121994	0,04345704
0,12299708	0,038398	0,0290527	0,02387367	0,00347878	0,04387639	0,12782694
0,15289138	0,00537944	0,01437023	0,11086269	0,00087323	0,00650886	0,14890223
0,7544682	0,00979507	0,00844137	0,01645027	0,00131535	0,02757188	0,01054796
0,03125747	0,01171373	0,01410912	0,01192929	0,00092065	0,05348068	0,05424566
0,15689323	0,00260006	0,02830223	0,11479523	0,00051541	0,02402058	0,13072866
0,17028587	0,00237816	0,01016141	0,01309794	0,00056116	0,02265014	0,10351301
0,02220947	0,02831155	0,03855677	0,00529733	0,00213613	0,05147427	0,03834808
0,03295547	0,02137431	0,02720118	0,01048494	0,00748973	0,02855961	0,09073719
0,12047002	0,01551072	0,04724099	0,00634939	0,00171819	0,02018505	0,03597582
0,0427608	0,01371309	0,01919804	0,0027296	0,00402125	0,04418593	0,00818258
0,02212178	0,0088178	0,00500128	0,00077087	0,00214547	0,01514231	0,0583782
0,32841473	0,00686327	0,02525837	0,02078881	0,00101286	0,02148232	0,06767471
9,57E-05	0,00065002	0,0001899	5,62E-05	2,16E-06	0,00049527	0,00068761
0,10439885	0,0076276	0,03123653	0,02427145	0,0027447	0,03698764	0,03653967
0,03887853	0,00569324	0,009935	0,00298747	0,00177376	0,01743293	0,03147885
0,13503452	0,01217995	0,03137713	0,01420761	0,00259022	0,04252284	0,03869189
0,12396167	0,00869452	0,00473469	0,08541436	0,00079874	0,00248479	0,06467672
0,01890117	0,04380882	0,01235621	0,00268845	0,00275979	0,0287791	0,06308834

0,16724861	0,01155907	0,01726801	0,01130793	0,00242928	0,02879036	0,06111489
0,12671992	0,01571693	0,0165778	0,01229415	0,00155222	0,01893562	0,09985491
0,05574688	0,01128562	0,02836431	0,00996096	0,0017522	0,02803339	0,02393575
0,11471437	0,00776209	0,02244276	0,01728698	0,00169736	0,02515182	0,07310683
0,08650213	0,00995197	0,02597962	0,02139508	0,00166598	0,01747232	0,05610908
0,47712887	0,00805347	0,00560932	6,31E-05	0,0003159	0,00010131	0,00376123
0,06033067	0,01145821	0,01539459	0,01408553	0,00118458	0,02578216	0,01953504
0,0300617	0,002618	0,00293795	0,00107949	0,00021076	0,00420979	0,38328142
0,01009231	0,01657316	0,00918088	0,02809288	0,00044979	0,00426607	0,30421987
0,0324931	0,01028146	0,0173447	0,01043693	0,00117859	0,01559255	0,16589998
0,13783262	0,00910695	0,02213965	0,00934509	0,00128733	0,02500267	0,03866438
0,10030133	0,00742363	0,00761239	0,04573786	0,00095155	0,03314648	0,03623024
0,02265589	0,02396317	0,03349889	0,00922301	0,00185758	0,01548562	0,05245099
0,03671019	0,02099103	0,01382427	0,00468832	0,00240197	0,02879036	0,09407898
0,08182268	0,00579187	0,01835811	0,20209424	0,00117979	0,01586833	0,09595616
0,10027742	0,0076545	0,01062338	0,01373987	0,00121284	0,00960711	0,11731337
0,12473494	0,00071502	0,00917175	0,22799796	0,0003456	0,00086109	0,13842991
0,00523748	0,02123759	0,01578899	0,00109595	0,00044715	0,02435545	0,02706438
0,07236811	0,01117131	0,02098382	0,009175	0,00182932	0,02441454	0,02912722
0,01152724	0,01228082	0,01428441	0,00993353	0,00061864	0,00837737	0,2239275
0,06831045	0,00372975	0,01651937	0,02886649	0,00129164	0,00964932	0,01805667
0,06610226	0,00943644	0,00276997	0,01182641	0,00069504	0,00807909	0,25520694
0,08299453	0,01466794	0,0119545	0,02729869	0,00038752	0,02375606	0,01935626
0,09562985	0,00870797	0,01318519	0,01074692	0,00182142	0,0288776	0,06169936
0,08090592	0,00474287	0,0102381	0,01488109	0,00119057	0,00901897	0,07882088
0,0446262	0,01319308	0,01547676	0,00653045	0,00141019	0,03169726	0,04932236
0,08368011	0,00242523	0,00763795	0,01444079	0,00140852	0,00793276	0,06903618
0,10272477	0,00961351	0,01678048	0,01187579	0,00150192	0,01502412	0,03759859
0,00301335	0,01178322	0,0052843	0,00480902	0,00061624	0,01870487	0,07892403
0,06608632	0,0078764	0,02061498	0,00375422	0,00133259	0,02198885	0,03508881
0,07995727	0,01306084	0,01977687	0,0097415	0,00205422	0,01816458	0,03452496
0,08530636	0,00511719	0,02345251	0,01247795	0,00065217	0,01158256	0,0157738
0	0,00034966	9,13E-06	0,01703185	0,0008167	0	5,50E-05
0,02598013	0,009878	0,03307709	0,01148762	0,00050272	0,0127138	0,07871087
0,040441	0,01736215	0,01531425	0,01147801	0,00091778	0,01410956	0,0287009
0,02465681	0,00603394	0,0092667	0,00667448	0,00050032	0,01201873	0,15290413
0,00603466	0,00467563	0,02597415	0,03850649	0,0009846	0,0060558	0,04113291
0,0572695	0,03782644	0,00897272	0,00810786	0,00120542	0,0220395	0,04118792
0,0315604	0,00535927	0,01420955	0,0022646	0,00096735	0,0176074	0,0715322
0,05669553	0,01290169	0,00672863	0,00831772	0,00286086	0,0294798	0,04051406
0,03195899	0,00404355	0,03176971	0,0102737	0,00071252	0,01558411	0,0154575
0,06980118	0,00612136	0,00838659	0,01076064	0,00076042	0,00704071	0,10175272
0,09932877	0,00756708	0,00932696	0,00258557	0,00153976	0,01245209	0,03231773
0,01291434	0,0087147	0,02171055	0,00282012	0,00123081	0,03592112	0,05785562
0,07287033	0,00649568	0,00967754	0,00514645	0,00079922	0,0087432	0,04684696
0,0897626	0,00740121	0,0087317	0,00494619	0,00177879	0,01907069	0,03337665
0,06422889	0,00619981	0,02006537	0,00343325	0,00088592	0,01456543	0,02507031
0,04567051	0,0093535	0,01191067	0,00550583	0,00157018	0,0226614	0,03100439
0,07149121	0,00651809	0,01189242	0,01158638	0,0012447	0,01419961	0,03014488
0,04518423	0,00256868	0,0140306	0,02031696	0,00116422	0,00768231	0,03440119

0,07222461	0,00174384	0,00633787	0,01414177	0,00042655	0,00700413	0,06899492
0,16849221	0,00091899	0,0260344	0,01950906	0,00039853	0,00759789	0,02793077
0,06276207	0,01159718	0,00618632	0,01179212	0,00147127	0,01729223	0,03222834
0,01515441	0,00082933	0,00205419	0,00843157	0,00014729	0,0010018	0,02811643
0,02339727	0,00507461	0,01381697	0,01537763	0,00159509	0,01168667	0,02863901
0,05860079	0,00636119	0,01240733	0,0034264	0,00125643	0,01286013	0,04448158
0,05801087	0,00507461	0,0067268	0,0051149	0,00142959	0,01221853	0,02777262
0,0118222	0,0004707	0,02026805	0,00074618	2,30E-05	0,00185726	0,02592982
0,06009949	0,00667051	0,01176095	0,00721217	0,00123967	0,01625385	0,01933563
0,01454856	0,01422414	0,00752292	0,00830949	0,00020286	0,01145592	0,04223309
0,01229253	0,00640378	0,00111566	0,00273371	0,00010993	0,02463966	0,00765999
0,06060968	0,00541755	0,01007012	0,0052795	0,00087682	0,01462734	0,0230281
0,08248434	0,00641274	0,00952416	0,00726429	0,00072354	0,01103382	0,02212733
0,00137912	0,00460839	0,01819742	0,00825874	0,00112614	0,02135287	0,00644292
0,0698809	0,00382837	0,00870248	0,01023118	0,000713	0,00674523	0,0335348
0,07180211	0,00670861	0,01018698	0,00523835	0,00094963	0,01388443	0,02918222
0,02805281	0,00972782	0,0038911	0,00678421	0,00052715	0,00944671	0,04020463
0,04979194	0,00442011	0,00912245	0,00492562	0,00111489	0,01232827	0,01498305
0,08552957	0,00464201	0,01007377	0,00686925	0,00079802	0,0120919	0,02498092
0,04690614	0,00099968	0,00392579	0,00445788	0,00034728	0,0039509	0,11821414
0,05577079	0,00571566	0,01364168	0,00390785	0,0009949	0,01415458	0,0160351
0,02715996	0,00802433	0,00569879	0,01107749	0,00062678	0,00726302	0,04555425
0,06462748	0,00432148	0,01003725	0,00501477	0,00108136	0,01472583	0,0160626
0,08043558	0,00696862	0,009851	0,00412183	0,00122865	0,00874601	0,02053895
0,01961863	0,00502305	0,00331775	0,01536254	0,00037698	0,0056956	0,06836232
0,01085761	0,00480788	0,00830077	0,01195261	0,00039231	0,00625841	0,04171738
0,00754931	0,00819692	0,00193916	0,00012482	0,0006184	0,00576595	0,01624138
0,04556688	0,00485719	0,00800497	0,00881426	0,0006184	0,00903586	0,03408489
0,06184532	0,0052584	0,00631231	0,00448394	0,00075419	0,00933414	0,03450434
0,04024171	0,00463529	0,01468795	0,00107675	0,00120781	0,01230013	0,02540724
0,10286029	0,00361992	0,01178286	0,00472673	0,00071324	0,01071583	0,00979846
0,00662458	0,00683189	0,00586678	0,00450315	0,00021986	0,0095255	0,12184472
0,03614419	0,00428114	0,01123507	0,00355945	0,00124086	0,02344089	0,01210196
0,05329953	0,0045389	0,0090695	0,00600648	0,00061025	0,01253088	0,01523059
0,03091469	0,00874383	0,00565314	0,00695841	0,00178909	0,00789055	0,03792864
0,00017538	0,00019949	0,07080671	5,49E-05	2,63E-06	0,00011538	0,00105892
0	0,00014345	4,56E-05	0	4,79E-07	2,81E-05	0,00023379
0,0195708	0,00311783	0,01376949	0,0023908	0,00103968	0,00377362	0,01276207
0,05534032	0,00419821	0,00665376	0,00553326	0,00062486	0,00730804	0,01972069
0,04107875	0,00489753	0,0119125	0,00623006	0,00097023	0,00944952	0,02280807
0,0092473	0,00778674	0,00538473	0,00392979	0,00018729	0,01257872	0,03659467
0,03690949	0,00035639	0,00769638	0,00760309	0,00027998	0,00324458	0,06660203
0,02518295	0,00097727	0,01487054	0,10599743	0,00022322	0,01324565	0,01256266
0,05043765	0,00634998	0,00643465	0,00500243	0,00072258	0,00987444	0,02830208
0,01550517	0,00355043	0,00617536	0,00327963	0,00059133	0,00796934	0,04905419
0,04551107	0,00717707	0,00410291	0,00395174	0,00054846	0,00779205	0,03342479
0,03606448	0,01276945	0,00625753	0,00625749	0,00158359	0,00857436	0,02468525
0,02128474	0,00667051	0,00534821	0,00532202	0,00036764	0,00872069	0,03008987
0,0867094	0,00322318	0,00680349	0,00443868	0,00081575	0,00759789	0,02350943
0,01839894	0,01570573	0,00622649	0,00258008	0,00089359	0,01255058	0,02750445

0,02807672	0,00732949	0,01466603	0,00320556	0,00126841	0,01411518	0,01239763
0,01800832	0,00503202	0,00426359	0,00238942	0,00155797	0,01188647	0,03665656
0,08310614	0,00378354	0,00957528	0,00714221	0,00107872	0,01067362	0,02418329
0,01513847	0,00562376	0,00276084	0,00494619	0,00050296	0,00578565	0,04349142
0,05546787	0,0055722	0,00845598	0,00410674	0,00066031	0,0085828	0,02570979
0,0535068	0,00395837	0,0066775	0,0070942	0,00067923	0,00704352	0,01826296
0,02940801	0,00154883	0,0030256	0,00302176	0,00027088	0,00102431	0,00096266
0,03834441	0,00303714	0,00368659	0,00371993	0,00052739	0,01630732	0,01275519
0,04589372	0,00461063	0,00537925	0,00217407	0,00069504	0,01241832	0,01426106
0,07234419	0,00236695	0,00703356	0,00565259	0,00055684	0,00818602	0,02125407
0,02458507	0,01180339	0,00568053	0,0076072	0,00052715	0,0118527	0,01451548
0,03521946	0,00723983	0,00820947	0,00350595	0,00094244	0,01017835	0,01823545
0,03848791	0,00747294	0,00501771	0,00437147	0,00068163	0,01049634	0,0295054
0,03241339	0,00535703	0,0061005	0,0026473	0,00103417	0,00737558	0,02909971
0,06293745	0,00323887	0,00699156	0,00311915	0,00205254	0,01669565	0,012322
0,04605316	0,00236471	0,00677975	0,00298472	0,00063756	0,00478948	0,01685335
0,07139555	0,0031918	0,00670672	0,00279269	0,00055205	0,00511591	0,01986509
0,02042378	0,00532789	0,00627944	0,00436461	0,00059229	0,00767387	0,02817144
0,00998868	0,00417131	0,00627214	0,01094307	0,00045146	0,00805376	0,05566901
0,02310231	0,00466442	0,00639996	0,00274194	0,00051996	0,00765698	0,01608323
0,00246329	0,00209574	0,00099697	0,00063233	8,89E-05	0,00075698	0,06008348
0,02326972	0,00154659	0,00636344	0,00834104	0,00064857	0,00477541	0,02791014
0,01603929	0,00224368	0,00319907	0,00984712	0,00024214	0,00459531	0,07494963
0,03553834	0,0060967	0,00516014	0,00296963	0,0005123	0,00535792	0,0142198
0,05446342	0,00712552	0,00783698	0,00368701	0,00074605	0,01315279	0,00858827
0,02888985	0,00556324	0,0044188	0,00473496	0,00069192	0,00563932	0,03749545
0,03973151	0,00469805	0,00807983	0,00529048	0,00056116	0,00906681	0,01256954
0,00966981	0,01078354	0,00165066	0,0037309	0,0002122	0,00909777	0,04147671
0,05548381	0,00435959	0,00639448	0,00431934	0,00039877	0,00594886	0,02591607
0,0190606	0,00242299	0,00509805	0,0133901	0,00017244	0,00295192	0,07697121
0,02780568	0,00486615	0,0084505	0,00351281	0,0007633	0,01266596	0,01217072
0,01929178	0,00254179	0,00725633	0,00234827	0,00045458	0,00586163	0,02043581
0,04869183	0,0066862	0,00519483	0,00315481	0,0003832	0,00790462	0,02914097
0,02755058	0,00301697	0,00709747	0,0034456	0,0004062	0,00467411	0,0236332
0,02961528	0,00425648	0,00682358	0,00506552	0,00054511	0,01374655	0,0132709
0,03547456	0,00385527	0,00665924	0,00821073	0,00050727	0,00759789	0,01998199
0,01712345	0,00409062	0,00347296	0,00013442	0,00020813	0,0082423	0,02819206
0,01645382	0,00504099	0,0090768	0,00587343	0,00091299	0,0084224	0,0146805
0,01733072	0,00409958	0,00549429	0,00116042	0,0006536	0,00199796	0,02344755
0,06065752	0,00369612	0,00487894	0,00650713	0,00079491	0,0076204	0,02462336
0,02833979	0,00299231	0,00806522	0,00453058	0,00061792	0,00787648	0,01412354
0,0061383	0,00856004	0,00363182	0,00263907	0,00052595	0,00507089	0,08848182
0,02991024	0,00416458	0,00484972	0,00238257	0,00046607	0,00906963	0,02520095
0,04178027	0,00551169	0,00188438	0,00195187	0,00018466	0,00702382	0,01642016
0,0472011	0,00133141	0,00452105	0,00601334	0,00043087	0,00550143	0,05458946
0,03044435	0,0042251	0,00777672	0,00392979	0,00084137	0,00782301	0,01377973
0,01553706	0,00192315	0,01021802	0,00090529	0,00043925	0,00544234	0,01602134
0,02336538	0,00660326	0,00333601	0,00393528	0,00045386	0,00522566	0,03191892
0,02959934	0,00179091	0,00532995	0,00261163	0,00018585	0,00275212	0,03048869
0,016685	0,00576945	0,00782237	0,00451	0,0005566	0,01058639	0,01383474

0,02028826	0,00410855	0,00507066	0,00507787	0,0004553	0,00538324	0,02365383
0,04531975	0,00370957	0,00415404	0,00482137	0,00047757	0,00659609	0,01653705
0,00758119	0,00770381	0,00293978	0,00385435	0,00072593	0,00469381	0,03647778
0,0457024	0,00262248	0,00484242	0,00325357	0,0004426	0,00559992	0,01993385
0,00224805	0,00386423	0,00070847	0,00070503	0,00018801	0,00368075	0,12233293
0,01442101	0,00453218	0,00649673	0,00263221	0,00060259	0,00545359	0,01901245
0,0246887	0,00720397	0,00202681	0,00529596	0,00103825	0,00718141	0,02476088
0,00017538	0,00084278	0,03309535	0,00127153	5,20E-05	0,00102431	0,00227599
0,02456912	0,00242075	0,00458314	0,00120431	0,00038919	0,00642162	0,00860889
0,05110729	0,00128434	0,00693679	0,00288459	0,0004414	0,00616836	0,00964031
0,00360326	0,00319404	0,00261659	0,00051163	0,00037913	0,01321751	0,00865703
0,03357727	0,00234678	0,01285287	0,0073411	0,00041171	0,00362729	0,01633077
0,00823488	0,00425648	0,00972684	0,00368975	0,00068785	0,0087629	0,03248963
0,0364551	0,00351233	0,00778585	0,00131405	0,00055996	0,00391713	0,01994073
0,00936688	0,00529427	0,00176752	0,00361157	0,00027208	0,00544515	0,03116942
0,02444158	0,01295997	0,00262937	0,01493184	0,00062941	0,01741604	0,02276681
0,01961066	0,00642171	0,00259468	0,00436598	0,00069791	0,00700413	0,0156019
0,04303184	0,00494909	0,00392762	0,00314932	0,00044212	0,00907244	0,01710777
0,02464884	0,00254179	0,00588869	0,00267199	0,00091538	0,00526224	0,01179941
0,04036925	0,00395165	0,00595625	0,00381595	0,00060091	0,00668895	0,01675709
0,00505413	0,00332405	0,00410474	0,00219465	0,00017843	0,00516656	0,03656717
0,01423766	0,00267851	0,00434028	0,00165147	0,00052499	0,00805376	0,01455673
0,01329698	0,00491771	0,00469087	0,00262946	0,00031111	0,00511872	0,01769224
0,02045567	0,00512392	0,00569149	0,00335233	0,00048907	0,00948047	0,01881305
0,02623523	0,00259334	0,00452288	0,00354573	0,00044356	0,00669177	0,01774725
0,02852314	0,00455459	0,00730745	0,00278446	0,00029148	0,00622745	0,01540249
0,02063902	0,00626705	0,00718146	0,00015363	0,00409238	0,01188647	0,00297048
0,01509861	0,0022885	0,00387832	0,00305879	0,00011257	0,00721799	0,01119431
0,03838427	0,00418924	0,00634518	0,00359374	0,00055301	0,00798904	0,01184067
0,03306708	0,00288921	0,00595808	0,00393254	0,00052906	0,00435049	0,01498993
0,02370817	0,00298111	0,0037432	0,00269256	0,00042368	0,00770482	0,01847612
0,02550183	0,00058726	0,00547785	0,00733973	6,47E-05	0,00086109	0,04238436
0,03966774	0,00255972	0,00536282	0,00373365	0,00027375	0,00919907	0,0070824
0,02471262	0,00274127	0,00521126	0,00305056	0,00035542	0,0071589	0,01532686
0,02866664	0,0036625	0,0026385	0,00421373	0,00033794	0,00486265	0,02413516
0,01746624	0,00287128	0,0068181	0,0038763	0,00052044	0,00978158	0,00761186
0,01490729	0,00049312	0,00106818	0,01005698	0,00016526	0,00061346	0,06035164
0,03745157	0,00248575	0,00461418	0,00274743	0,00032141	0,00537762	0,01584257
0,00953429	0,00775312	0,00405544	0,00196421	0,00049577	0,01137432	0,01470113
0,00564404	0,00294076	0,00382902	0,001694	0,00043206	0,00579691	0,04018401
0,02381977	0,0028399	0,00402257	0,00267747	0,00049433	0,00657358	0,02881091
0,04509654	0,00341819	0,00463244	0,00328237	0,0004335	0,00798341	0,01303023
0,01217296	0,00153538	0,00569331	0,00214253	0,00027088	0,00550143	0,01674334
0,02483219	0,00576497	0,00286492	0,00220288	0,0003456	0,00563369	0,02178353
0,01648571	0,00554531	0,00235	0,00392156	0,00049314	0,00458687	0,02905158
0,02317406	0,00364009	0,00478764	0,00396683	0,00038704	0,00670302	0,01694274
0,00474323	6,95E-05	0,00143155	0,002052	0,00011616	0,00036301	0,08078058
0,01521819	0,00267851	0,00685097	0,00177492	0,00080162	0,00692252	0,0104792
0,02886593	0,00431252	0,00513275	0,00625612	0,00100112	0,00484858	0,0191706
0,02146012	0,00125296	0,00958807	9,60E-06	0,00048835	0,01051604	0,00246165

0,01019595	0,00386647	0,00215827	0,00479942	0,00062319	0,00339654	0,06238697
0,03755521	0,00247006	0,00370668	0,00249779	0,00037889	0,00363854	0,0159182
0,0001993	0,00379475	0,00044188	1,37E-05	4,79E-06	0,00032361	0,00133397
0,02185074	0,00504323	0,00335062	0,00434678	0,00034704	0,0079412	0,01207446
0,0089922	0,00510375	0,00345105	0,00227146	0,00163077	0,00564213	0,03856124
0,02491191	0,00229747	0,00770551	0,00246898	0,00040763	0,00811004	0,00678672
0,03018128	0,00405027	0,00356973	0,00291477	0,00037506	0,00685498	0,01241138
0,01403039	0,00640826	0,00369025	0,00264044	0,00037506	0,00482607	0,02513907
0,00406562	0,00394717	0,01129533	0,00079419	0,00019735	0,00869817	0,03257902
0,05126672	0,0024992	0,00515648	0,00151842	0,00067492	0,00421542	0,01415104
0,02875433	0,00139417	0,0069587	0,00480491	0,00013556	0,00063316	0,02729129
0,01421374	0,00097727	0,00384363	0,00347578	0,0001449	0,00833235	0,0420268
0,01586391	0,00338457	0,00397327	0,00244978	0,00084736	0,00519752	0,02137784
0,01414199	0,00354819	0,00398605	0,00169948	0,00019088	0,00709417	0,01802917
0,01949108	0,00368043	0,00399153	0,00138263	0,00024166	0,0060164	0,03144447
0,01218093	0,00385975	0,0064876	0,00185859	0,00039734	0,00452778	0,0122051
0,01799238	0,00251713	0,00618084	0,00208629	0,00079252	0,00477823	0,01195756
0,01169465	0,00311111	0,0026951	0,00357179	0,00027088	0,00407753	0,01428169
0,0252547	0,00250368	0,00919549	0,00851524	0,00064259	0,00749658	0,00968844
0,00290174	1,79E-05	0,00032319	0,0002661	5,53E-05	0,00017447	0,00045382
0,01972226	0,00336439	0,00520396	0,0035375	0,00083539	0,00955645	0,01031417
0,03010156	0,00233333	0,00439324	0,00436461	0,00037171	0,00545641	0,01452923
0,01359194	0,0027861	0,00408465	0,00504769	0,00025172	0,00307855	0,01763723
0,01950702	0,00134262	0,00270423	0,0017955	0,00031111	0,00341905	0,02165976
0,03679788	0,00563945	0,0024906	0,00253071	0,0004129	0,0025861	0,02525596
0,00636151	0,00175504	0,00209437	0,00435089	0,00024525	0,00289845	0,03509568
0,00701519	0,00394941	0,00275901	0,00160347	9,32E-05	0,00697317	0,02169414
0,02138837	0,00491322	0,00315707	0,00268707	0,00027327	0,00720674	0,01641328
0,00247126	0,00330612	0,00189169	0,01208977	5,63E-05	0,00205143	0,0390632
0,00417723	0,00526737	0,00256729	0,00221934	0,00037865	0,0055746	0,01970694
0,01124823	0,00211367	0,00232626	0,0034552	0,00027878	0,00222309	0,04604933
0,02212975	0,00159814	0,00278457	0,00119746	0,001078	0,00131134	0,01974132
0,00542083	0,00261127	0,00559654	0,00149236	0,00052523	0,00743467	0,04827031
0,01010029	0,00410631	0,00157214	0,00041424	0,00026274	0,00422386	0,04961803
0,0026307	0,00479443	0,00572983	0,00062548	6,80E-05	0,01255621	0,01936313
0,02569315	0,00393148	0,00542307	0,00342228	0,00069863	0,00520596	0,01763723
0,01861418	0,00401217	0,00368294	0,00381869	0,00052571	0,00679026	0,01932875
0,02257617	0,00195005	0,00585765	0,00280915	0,00047158	0,00507933	0,0102179
0,05253424	0,00199936	0,00344009	0,00445925	0,00026465	0,00444617	0,00884956
0,02380383	0,0046846	0,00431472	0,00479119	0,00053577	0,00916812	0,00856076
0,03667033	0,00314473	0,00466896	0,00306154	0,00046919	0,0056759	0,01628951
0,0266418	0,00279283	0,00553993	0,00627944	0,0004141	0,00444054	0,01045169
0,01378326	0,00266282	0,00290874	0,00271451	0,00044955	0,00601077	0,03050931
0,02373208	0,00369612	0,00189716	0,00374736	0,00028716	0,00296599	0,02470587
0,03757912	0,00284662	0,00482599	0,00263221	0,00033099	0,00386929	0,01443296
0,01222079	0,00436407	0,004039	0,00292437	0,00041386	0,00526787	0,01328465
0,01477974	0,00437528	0,00166892	0,00024964	0,00141786	0,00737558	0,00994974
0,01124823	0,00021966	0,00031589	0,00570609	5,63E-05	0,00075698	0,09027649
0,02348496	0,00220109	0,0047	0,00445925	0,00049745	0,0039312	0,00864327
0,01539357	0,00780691	0,00169996	0,00223031	0,00055828	0,00608112	0,01752034



0,02417053	0,00134934	0,00781689	0,01770945	0,00015592	0,00136762	0,01939064
0,00503819	0,00140986	0,00280283	0,00348126	0,00020717	0,00301101	0,04063783
0,01398256	0,00177797	0,0036519	5,49E-06	0,00079563	0,00500335	0,01207446
0,0097575	0,00498047	0,00303473	0,0027392	0,00019328	0,00558585	0,01367659
0,02519093	0,0038194	0,00353687	0,00265827	0,00039734	0,00680996	0,013876
0,01528196	0,00325232	0,00405909	0,00422607	0,00048691	0,00409442	0,03034429
0,0186939	0,00602049	0,00369938	0,00332901	0,00018777	0,00345845	0,0111393
0,01830328	0,00626929	0,00283935	0,00397917	0,00035087	0,00811848	0,00869141
0,03725228	0,00173487	0,00297813	0,00180098	0,00031135	0,00381864	0,01139372
0,01128809	0,00200384	0,0069587	0,00239354	0,0007597	0,00410849	0,01690836
0,01756987	0,0036625	0,00280649	0,00297786	0,00056187	0,0039312	0,01471488
0,02627509	0,00099968	0,00141329	0,01010362	0,00048547	0,00343593	0,02785513
0,00660863	0,00278834	0,00221305	0,00302039	0,00057577	0,00242288	0,04424779
0,00639339	0,00332853	0,00339627	0,00510942	0,00011305	0,00366387	0,03092876
0,03384831	0,00185367	0,00693131	0,00183939	0,00039374	0,00543108	0,00649793
0,01418185	0,00319853	0,00334697	0,00282287	0,00051996	0,00621338	0,01381411
0,01714737	0,00174384	0,00151189	0,00267199	0,00011041	0,00240037	0,02915472
0,01811993	0,00531892	0,00276084	0,00191483	0,00029962	0,00674242	0,01167564
0,06753719	0,00179987	0,00126721	0,00386258	0,00024525	0,00226811	0,01101553
0,00341194	0,00503202	0,00555819	0,00431934	0,00019855	0,00615429	0,01983759
0,03224598	0,0031918	0,00377789	0,00213567	0,00036788	0,0058954	0,00880143
0,02184276	0,00223247	0,0019282	0,00212744	0,00028022	0,00367231	0,01300273
0,00746959	0,00241627	0,0038838	0,00052809	0,00039111	0,00487672	0,0205527
0,02674543	0,00258886	0,00457218	0,00184488	0,00037027	0,00586163	0,00881518
0,01609509	0,00144124	0,00211263	0,00075578	0,00022178	0,00419854	0,02060771
0,01866998	0,00185591	0,00424351	0,00188466	0,00037554	0,00403251	0,00901458
0,0127549	0,0045389	0,00188621	0,00174337	0,00025914	0,00313765	0,02293184
0,02810064	0,00142107	0,00518387	0,0026034	0,00032093	0,00333463	0,003885
0,02621132	0,00319404	0,00353687	0,00502849	0,00048859	0,00233002	0,01123557
0,02238485	0,00379027	0,00294526	0,00237159	0,00030034	0,00410567	0,01768536
0,00179366	0,00091899	0,00226783	0,00294494	0,00033483	0,00316297	0,01175128
0,00185743	0,00203746	0,00266589	0,00200948	0,00013221	0,00408316	0,02337878
0,02838762	0,00375888	0,00173648	0,00241686	0,00037794	0,00475571	0,01932188
0,01328104	0,00241178	0,00336523	0,00384338	0,00017747	0,00268459	0,01333278
0,01073006	0,00369612	0,00502502	0,00121666	0,00031471	0,00336558	0,02109592
0,0159516	0,00171021	0,00467261	0,00091352	0,00051972	0,00536917	0,01255578
0,0199375	0,00342267	0,00329584	0,00252385	0,00036668	0,00403814	0,01672271
0	2,24E-05	0,00176204	2,47E-05	3,38E-05	1,69E-05	0
0,01128011	0,00038777	0,00057335	0,00013579	0,00010179	0,01090156	0,05538022
0,02365237	0,00327698	0,00406274	0,00326043	0,00026489	0,00457562	0,00935839
0,0119338	0,00212488	0,00784063	0,00113436	0,00037386	0,00592072	0,00831322
0,01403836	0,002618	0,00456305	0,00454978	0,00057864	0,00557178	0,01699775
0,00923136	0,0026561	0,00190081	0,00368975	0,00046464	0,00296036	0,02024328
0,00835446	0,00145245	0,00563671	0,00205337	0,0003832	0,00164902	0,01912247
0,02901739	0,00247006	0,00376511	0,00336467	0,00047565	0,00678463	0,00765311
0,0119338	0,00330612	0,0058613	0,00212469	0,00030393	0,00532978	0,01153812
0,02078251	0,00257541	0,00444619	0,00247172	0,00028908	0,00300539	0,02152223
0,03617608	0,00225264	0,0033141	0,00162816	0,00035782	0,00458406	0,00907647
0,01808804	0,00310663	0,00164336	0,00062548	0,00027998	0,00481762	0,01833859
0,00775657	0,0018828	0,00211628	0,00058433	0,00012909	0,00329523	0,02764885

0,02718388	0,004382	0,00228244	0,00227969	0,00050128	0,00561118	0,01076112
0,00659269	0,0019366	0,00186612	0,00179138	0,00021986	0,00313202	0,0135597
0,01200555	0,0049446	0,00224227	0,00260615	0,00031016	0,00358789	0,01780913
0,00624193	0,00774191	0,00212358	0,0001934	0,00032477	0,00193887	0,01609698
0,00753336	0,00566635	0,00240843	0,00608466	0,00021795	0,00858843	0,01677772
0,03871909	0,00210022	0,00545959	0,00108498	0,00033459	0,00435331	0,00429757
0,00013552	0,00011207	0,00035789	4,11E-05	7,19E-07	0,00384678	0,025476
0,04842876	0,00134262	0,00295804	0,00238668	0,00031806	0,00500616	0,00659419
0,03380048	0,00111399	0,00176204	0,00302176	0,0007312	0,00179254	0,01303023
0,01118445	0,00380596	0,00483694	0,00203828	0,0003832	0,00807346	0,00798317
0,03675802	0,00267851	0,0029343	0,00126192	0,00028764	0,00485983	0,00980534
0,02133257	0,0033106	0,00281562	0,00199302	0,00031351	0,00436738	0,01952816
0,00213645	0,00359078	0,00227148	0,00103423	3,78E-05	0,00859124	0,00927588
0,01984184	0,00321646	0,00318446	0,00196833	0,00022873	0,00460657	0,00968844
0,00489469	0,0041332	0,00165614	0,00034566	0,0004232	0,00269022	0,02095152
0,02484814	0,00270541	0,00302377	0,00311503	0,00045817	0,00650041	0,00767374
0,00358732	0,01432725	0,00221488	0,00512313	0,00010442	0,00078512	0,00804505
0,01589579	0,00153538	0,00208706	0,00982517	0,00020286	0,00364136	0,03876753
0,00534111	0,00259782	0,00212175	0,00116316	0,0001746	0,00305323	0,04142858
0,02684109	0,00118572	0,00628857	0,00258969	0,00019807	0,00282247	0,01327777
0,01047496	0,00069933	0,00222218	0,00615325	0,00012766	0,00164621	0,02916847
0,01758582	0,00347198	0,00267502	0,00094644	0,00034297	0,00694222	0,00690362
0,01788875	0,00219661	0,0027298	0,0009533	0,00013891	0,00406346	0,01901245
0,00270244	0,00322318	0,00176022	0,0022166	0,00014442	0,00419572	0,02456148
0,01875767	0,00305956	0,0050944	0,00147179	0,00037386	0,00559711	0,0085195
0,01552909	0,00319404	0,00201768	0,00277486	0,00031471	0,00414226	0,01587007
0,04022576	0,00224592	0,00389658	0,01337639	0,00029818	0,00025889	0,00705489
0,0177612	0,00272334	0,0014425	0,00151019	0,00069983	0,00600514	0,01996136
0,00474323	0,00323215	0,00288683	0,00097388	0,00018753	0,00420135	0,0203808
0,01079383	0,00371854	0,00031589	0,00201085	0,00018394	0,00204299	0,06555686
0,0465793	0,00271214	0,00178395	0,00040601	0,00019424	0,00570404	0,00583094
0,00427289	0,00242971	0,00179308	0,00134697	6,54E-05	0,00393683	0,01920498
0,03418313	0,00180884	0,00246138	0,0028215	0,0002328	0,00392558	0,01098803
0,09727205	0,00017932	0,00076325	0,00063371	0,00069384	0,00060502	0,00539775
0,02619537	0,0017797	0,00271154	0,00230301	0,00028477	0,00378487	0,0140754
0,02358062	0,00336215	0,0030676	0,0026665	0,00032525	0,00335714	0,01237013
0,01051482	0,00245661	0,0026878	0,00348401	0,00017939	0,00382427	0,01061672
0,01692416	0,0034944	0,0026878	0,0036198	0,00040117	0,0033684	0,01956254
0,01143955	0,00099071	0,00333419	4,53E-05	5,03E-06	0,00213585	0,00656669
0,00775657	0,00394492	0,00308768	0,0014375	0,00067803	0,00661579	0,00755685
0,01133592	0,00528306	0,00102618	0,00065977	0,00041769	0,00639067	0,04050031
0,01599145	0,00402562	0,00316985	0,00261438	0,00023926	0,00490486	0,01244577
0,00767686	0,00147711	0,00072673	0,00248544	0,00011879	0,00186852	0,03064684
0,02798106	0,00151521	0,0043129	0,00171731	0,00055565	0,00481481	0,00826509
0,00416926	0,00432373	0,0021108	0,0009629	0,0003868	0,01067925	0,01029354
0,011312	0,0022235	0,00205785	0,00164187	0,00028812	0,00278308	0,01540249
0,01296217	0,0013359	0,00266589	0,00202594	0,00030968	0,00217525	0,01567754
0,01428549	0,00432597	0,00055874	0,00281875	0,00021507	0,00399311	0,0160626
0,02279141	0,00186487	0,00218932	0,00292711	0,00023543	0,00235253	0,01922561
0,03093063	0,00208005	0,00383632	0,00232633	0,00030441	0,00490767	0,00526023

0,00855375	0,00224368	0,00256181	0,00276937	0,00029938	0,00284217	0,01042419
0,02759044	0,00219885	0,00353869	0,00318498	0,00015113	0,0041113	0,01108429
0,03845602	0,00402113	0,00185334	0,000668	0,00040668	0,00315453	0,01617949
0,00450407	0,00017483	0,00021729	0,01557789	5,27E-05	0,00033768	0,02011263
0,02532645	0,00217419	0,00289596	0,00253208	0,00025723	0,00382708	0,00827884
0,01108879	0,00189625	0,00379615	0,00299021	0,00022897	0,00312358	0,01734843
0,0100684	0,00140986	0,00223314	0,00082437	7,02E-05	0,00273243	0,01109117
0,00791601	0,00523823	0,00085637	0,00195461	0,00010107	0,00409723	0,01230137
0,01442898	0,00186263	0,0068601	0,00341679	0,00039829	0,0031883	0,01198507
0,0082588	0,00141883	0,00387284	0,0010164	0,0002098	0,0029069	0,00938589
0,01116851	0,00125296	0,0029763	0,01108709	0,00014921	0,00179817	0,03876065
0,01930773	0,00213833	0,00251251	0,00272822	0,00030106	0,00380176	0,01831109
0,01378326	0,00270541	0,00352226	0,00171183	0,00029698	0,0032277	0,01111118
0,02343713	0,00198815	0,00217106	0,00174475	0,00020957	0,00317423	0,01170314
0,00813125	0,00259558	0,00234817	0,00181333	0,00045697	0,00507651	0,01601447
0,01460436	0,00169004	0,00333419	0,00234827	0,0003353	0,00315453	0,01757535
0,0097575	0,00289593	0,00587408	0,0010548	0,00030776	0,00592635	0,00629164
0,01328104	0,00168556	0,0036446	0,00123175	0,00025771	0,00363292	0,02654867
0,00959009	0,00276369	0,00246138	0,0019258	0,0002007	0,00240037	0,01890931
0,00019132	0,0023692	4,20E-05	0,01285927	0,00011808	0,00015477	0,00119644
0,00814719	0,00583445	0,00391119	0,00144847	0,0003262	0,00404939	0,00709615
0,00900018	0,00203746	0,00186977	0,00035389	6,73E-05	0,00219495	0,02709189
0,01765756	0,00309318	0,00216375	0,0008806	0,00093071	0,00256358	0,00617475
0,01455653	0,00270765	0,00195194	0,00212195	0,00021747	0,00296599	0,01286521
0,04125413	0,00131124	0,00190812	0,00160484	0,0002486	0,002648	0,00669046
0,02953556	0,00221902	0,00203594	0,00325357	0,00019999	0,0027071	0,01100178
0,00419317	0,00107589	0,00117043	0,00906527	0,00015113	0,00149988	0,03676658
0,01305783	0,00217419	0,00285031	0,00193815	0,00013053	0,00367513	0,0128102
0,01016406	0,00106244	0,00249425	0,00150059	0,00053026	0,00214148	0,01439858
0,01155913	0,00202626	0,00220757	0,0018874	0,00036428	0,00402125	0,01253515
0,01163087	0,00169228	0,00404631	0,00156643	0,00040716	0,00406346	0,00988097
0,00427289	0,00230419	0,00250155	0,00089295	0,00018753	0,00230751	0,021646
0,01653354	0,0007733	0,00245408	0,00325494	0,00034225	0,00152239	0,02080024
0,03089874	0,00189177	0,00291239	0,00414789	0,00043925	0,002648	0,00743995
0,0196266	0,00099968	0,00285944	0,00273097	0,00019472	0,00257765	0,01010789
0,01669297	0,0045389	0,00270606	0,00218642	0,00034009	0,00515812	0,00585157
0,00035873	0,00212712	0,00234087	0,00011796	9,10E-06	0,00030673	0,00233788
0,00629773	0,00406148	0,00226783	0,00164462	0,0003068	0,0040719	0,01298898
0,00741379	0,00162728	0,00379433	0,00194501	0,00044188	0,00210208	0,02432769
0,01147941	0,00176401	0,00360808	0,00327277	0,00025866	0,00301946	0,00847137
0,00853781	0,00449632	0,00230435	0,00217133	0,00026729	0,00485702	0,00939965
0,00431275	0,00101313	0,00096228	0,00027159	0,00077096	0,00213304	0,04536172
0,0091915	0,00374095	0,00203959	0,00346617	0,00021244	0,00424919	0,01690149
0,01572838	0,00202177	0,00304934	0,00262946	0,00021268	0,00328679	0,01087114
0,02177899	0,00132245	0,00268597	0,0005418	0,00040284	0,00359915	0,00684173
0,01475582	0,00177297	0,00289048	0,00071189	0,00024932	0,00573781	0,02024328
0,01336873	0,00267851	0,00219114	0,00111653	0,00029483	0,00529601	0,01219823
0,00241546	0,00252161	0,00061352	0,0075688	9,15E-05	0,00489923	0,03001423
0,01674878	0,00247454	0,0026458	0,00335918	0,00020406	0,00263393	0,00934464
0,00355543	0,0013471	0,00458679	0,00014402	9,70E-05	0,00137606	0,01809105

0,00235966	0,00062536	0,00131834	0,00420001	0,00047254	0,00159274	0,01966568
0,02333349	0,00205315	0,00166344	0,00229067	0,00019879	0,00321362	0,00836823
0,03302722	0,00060743	0,00249425	1,51E-05	5,96E-05	0,00010975	0,0024754
0,01240414	0,00236023	0,00213088	0,00135657	0,00025435	0,00372859	0,00943403
0,00656877	0,00052225	0,00138042	0,00237159	8,65E-05	0,0009427	0,02390825
0,00403374	0,00212712	0,01139941	0,0017324	8,55E-05	0,00387774	0,005384
0,02178696	0,00178194	0,00237556	0,00289419	0,00017532	0,00336558	0,01300273
0,03354538	0,00129555	0,001154	0,00258008	0,00020597	0,00173626	0,00528773
0,00601075	0,00215402	0,00125625	0,00087923	0,00023783	0,00341624	0,03061246
0,06305703	0,00153762	0,00104079	0,00191757	8,31E-05	0,00192198	0,0024754
0,01234834	0,00254851	0,00340905	0,00242097	0,00065911	0,00261705	0,01479052
0,00683184	0,00460166	0,00134755	0,00161718	0,00020118	0,00237223	0,01719716
0,01508267	0,00130676	0,00163423	0,00198753	0,00016765	0,00480074	0,00648418
0,00052614	0,00507461	0,00103166	0,00046911	3,21E-05	0,00362729	0,00937214
0,00812328	0,00221902	0,00265676	0,00149511	0,000388	0,00317986	0,0118613
0,0116787	0,00167659	0,00089472	0,0024827	0,00033698	0,00326428	0,01115993
0,02432997	0,00223695	0,00498119	0,00352104	9,22E-05	0,00287313	0,00907647
0,00892046	0,00094364	0,00350035	0,00297786	0,00017627	0,00175596	0,02397013
0,02193843	0,00183125	0,00221123	0,00235102	0,00020094	0,00316579	0,00966094
0,00790804	0,00151297	0,0019136	0,00112613	0,00024573	0,00276057	0,02966355
0,0103235	0,00196126	0,00197385	0,00136891	0,00021436	0,00363573	0,01247327
0,00035076	5,83E-05	0,00074499	0,0103368	1,22E-05	0,00043899	0,05234097
0,00652094	0,00275248	0,00247964	0,00018243	0,00034488	0,00723488	0,00713053
0,00747756	0,00108037	0,00126721	0,0001646	0,00017101	0,00041366	0,00419443
0,01171059	0,00123055	0,00118139	0,00300118	0,00012718	0,00230751	0,02520095
0,01319335	0,0022885	0,00304386	0,0020081	0,00028477	0,0045531	0,00923462
0,03875895	0,00107141	0,00392032	0,00343737	0,00026321	0,00431673	0,00522585
0,01492323	0,00176401	0,00378154	0,00439341	0,00033483	0,00380176	0,01022478
0,0136318	0,00241851	0,00280831	0,00159935	0,0002704	0,00454748	0,00994286
0,00716666	0,00155107	0,00422525	0,00158152	0,00131008	0,0046516	0,0048064
0,01532979	0,00193884	0,00170544	0,00212332	0,00020214	0,00230751	0,01214322
0,00691156	0,00252834	0,00354782	0,0011083	0,00023088	0,00364417	0,01230137
0,01595957	0,00232885	0,00199394	0,00161581	0,00017795	0,00325302	0,01017665
0,01314552	0,00192988	0,0022587	0,00170771	0,00025627	0,00225967	0,01199882
0,00941471	0,00264265	0,00292882	0,00145258	0,00022801	0,00339654	0,01040356
0,00973358	0,00099968	0,0036446	0,00138949	0,00019975	0,00367794	0,01008038
0,00664849	0,00286231	0,00265128	0,00070366	0,00026417	0,00395653	0,00811381
0,0139985	0,00174384	0,00176935	0,00199302	0,00030321	0,0028281	0,0117444
0,0088248	0,00173711	0,00228974	0,00445925	0,00020717	0,00340217	0,01200569
0,00792398	0,00281972	0,00132381	0,00298472	0,0002304	0,00342186	0,01132496
0,00672821	0,00170797	0,00213819	0,00102463	0,00020454	0,0038299	0,01027291
0,00429681	0,00488633	0,00347296	0,00154723	0,00019424	0,00596012	0,01762348
0,01980995	0,00126417	0,00216375	0,00167342	0,00020693	0,00324458	0,00501269
0,00099648	0,00713448	0,00144615	0,00129759	5,27E-06	0,00361885	0,01580131
0,00421709	0,00428114	0,00048936	0,00238119	0,00020501	0,00179817	0,01518246
0,00672821	0,00289145	0,00258007	0,00050065	0,0003377	0,00249605	0,00405003
0,00801167	0,00130003	0,00205602	0,00308897	0,00023831	0,00167154	0,00914523
0,00907989	0,00144348	0,0026458	0,00130444	0,00027926	0,00241444	0,01195069
0,00597089	0,00258213	0,00227513	0,00131679	0,00043661	0,00435331	0,0114006
0,00737393	0,001374	0,00142607	0,00098759	6,63E-05	0,0016237	0,04171738

0,00247923	0,00290938	0,00310229	0,0006968	0,00044595	0,00426326	0,02051145
0,00703911	0,00095709	0,00127634	0,00303959	0,00011281	0,00135074	0,01953504
0,01297014	0,00057157	0,0001406	8,09E-05	2,42E-05	0,00065286	0,00063948
0,00987708	0,00458821	0,00078699	0,00290654	8,36E-05	0,00637378	0,0040294
0,00018335	2,69E-05	0,00679071	0,00054043	0,00020118	0,00229625	0,01708027
0,01393473	0,00140314	0,00227879	0,00315755	0,00011424	0,00180942	0,00876017
0,00652094	0,00116106	0,00309864	0,00231536	0,00039805	0,00209083	0,0027642
0,00527734	0,00164521	0,0016817	0,00162678	0,00034177	0,00357945	0,00778376
0,02113327	0,00135159	0,00218932	0,0027584	7,26E-05	0,00207394	0,00855389
0,010746	0,00105572	0,00111748	0,00158426	0,00024214	0,00119596	0,01416479
0,00730218	0,00565066	0,0030749	0,00099857	0,00014155	0,00684935	0,01602822
0,01500295	0,00139866	0,00195012	0,00447023	0,00020478	0,00149144	0,0125214
0,01060251	0,00119693	0,00249973	0,00211647	0,0001552	0,00183194	0,02296622
0,02322986	0,00235351	0,00203959	0,00085591	0,000251	0,00305041	0,00891832
0,00440044	0,00210695	0,0026312	0,00097388	0,00016837	0,00430547	0,01144185
0,00922339	0,00103778	0,00394953	0,00173652	0,00016358	0,00160963	0,00663545
0,00403374	0,00168332	0,00186795	0,00067623	0,00049074	0,00420416	0,03401613
0,00066963	0,00052225	0,00143155	0,00036075	5,48E-05	0,00057406	0,00253729
0,00365906	0,00021518	0,00493007	0,0044812	6,66E-05	0,0006416	0,0439865
0,01218093	0,00167883	0,00319724	0,00195049	0,00022873	0,00312639	0,00729556
0,00852187	0,00128882	0,00185699	0,00070503	0,00032764	0,00246228	0,01269331
0,00999665	0,0002869	0,00304386	0,00125369	7,52E-05	0,00055436	0,03369983
0,01489134	0,00102658	0,00247416	0,00203828	0,00020861	0,00385804	0,00765311
0,01608712	0,00311783	0,00136946	6,86E-06	0,0006627	0,00980972	0,00250978
0,00920744	0,00099071	0,00135486	0,00226186	5,36E-05	0,00143516	0,00814819
0,0085139	0,0012171	0,0019775	0,00228655	0,00011281	0,0022653	0,01087114
0,00266259	0,00058277	0,00145711	0,00166245	5,44E-05	0,00021668	0,03868501
0,01503484	0,00164073	0,00195742	0,00123449	0,00025699	0,00107215	0,00936527
0,00589914	0,00272334	0,00082716	0,00121666	0,00082509	0,0034697	0,01152437
0,01546532	0,00132245	0,0055655	0,00113573	0,00014059	0,0041507	0,00243414
0,01958674	0,00267627	0,00162327	0,00085866	0,00024118	0,00441803	0,01483178
0,01815979	0,00088761	0,00139685	0,00347166	0,00014873	0,00151676	0,0213297
0,00479106	0,00349215	0,00285761	0,00033606	0,00033147	0,00626404	0,01102241
0,00432869	0,0022885	0,00111566	0,00034429	0,00023639	0,00326991	0,01432294
0,01092935	0,00306852	0,00126356	0,00135794	0,00016095	0,00174751	0,01350469
0,00838635	0,00039673	0,00356243	7,00E-05	0,00010706	0,00217806	0,00438008
0,02511121	0,00158245	0,00157945	0,00171457	0,00016622	0,00296036	0,00587908
0,01217296	0,00188953	0,0010061	0,00248133	9,46E-05	0,00204017	0,01570504
0,01318538	0,00201505	0,00189899	0,00199576	9,96E-05	0,00284217	0,01083675
0,01053076	0,00263817	0,00247782	0,00086963	0,0001722	0,00386085	0,00550777
0,01068223	0,00108485	0,00166344	0,00220974	0,00019807	0,00157586	0,02706438
0,01268315	0,00098847	0,00419603	0,00178727	0,00018346	0,00257484	0,00784565
0,0098691	0,00233333	0,00163057	0,0013017	0,00014634	0,00296318	0,0095853
0,01065831	0,00374544	0,00193003	0,001384	0,00020741	0,00500616	0,00453136
0,01198961	0,00210022	0,00243582	0,00136343	0,00024118	0,00298006	0,00923462
0,01183814	0,00174608	0,00174013	0,00139497	0,00011975	0,00241725	0,01375223
0,00437653	0,00032053	0,00010956	0,00015363	0,00043494	0,00063597	0,00767374
0,01050685	0,00137848	0,00207245	0,00179961	0,00029746	0,00423512	0,00737119
0,00245532	0,00013	0,00027207	0,00030039	2,90E-05	0,00100461	0,06092236
0,00167408	0,00019276	0,00035789	0,00046636	0,00106914	0,0012635	0,04073409

0,0230784	0,00236247	0,00096958	0,00229615	0,00016909	0,00214711	0,00657356
0,00355543	0,00145245	0,00088741	0,00292849	0,00013891	0,00182349	0,02172164
0,00554838	0,00059174	0,00149545	0,00771556	0,00012766	0,00144641	0,01271393
0,02260806	0,00122831	0,00237374	0,00154586	0,00010945	0,00249886	0,00466201
0,0024314	0,00183573	0,00058978	0,00082437	9,08E-05	0,00239474	0,00688987
0,01315349	0,00154211	0,00137129	0,00098896	0,00020358	0,00220902	0,00980534
0,0066166	0,00273455	0,00151189	0,00182979	0,00018993	0,00230751	0,00937214
0,00943065	0,00430131	0,00100245	0,00051437	0,00037075	0,00557178	0,00710303
0,0065608	0,00086295	0,00089289	0,00483783	0,00017053	0,00337121	0,01181316
0,01066628	0,0012821	0,00222218	0,00219739	0,00017484	0,00251575	0,01336716
0,0131216	0,00188056	0,0010481	0,00185448	0,00024357	0,00316016	0,0143367
0,00491064	0,00218316	0,00135486	0,00129347	0,00032189	0,00415351	0,01146936
0,00533314	0,00110503	0,00123982	0,001897	0,00022729	0,00579691	0,01567754
0,00267853	0,00140762	0,00165796	0,00055826	0,0003068	0,00045025	0,01160688
0,01181423	0,00234006	0,00098784	0,00108087	0,0002977	0,00272398	0,00908335
0,01067426	0,0019366	0,00232626	0,0012825	0,00026465	0,00396497	0,00499206
2,39E-05	0,00010535	4,20E-05	2,47E-05	1,63E-05	0,00014633	0,00050196
0,01423766	0,00131796	0,00228792	0,00215076	0,00034057	0,00194168	0,00528086
0,0136318	0,00163849	0,00212541	0,00295455	0,00015568	0,00199515	0,00660795
0,00423303	0,00113865	0,00175291	0,00138126	0,00042679	0,00122973	0,03190517
0,05086813	0,00035415	2,01E-05	0,00139635	4,86E-05	0,00130008	0,00305987
0,00487875	0,00258437	0,00104262	0,00141418	0,00012646	0,00274368	0,01501056
0,0061941	0,00132469	0,002266	0,00079968	0,00010658	0,00396216	0,0089802
0,01764162	0,00121934	0,002266	0,00087375	0,00039302	0,00150551	0,00684861
0,00675212	0,00325232	0,00072855	0,00131679	0,00040356	0,00184038	0,01954879
0,00940674	0,00139193	0,00141511	0,00219876	0,00025124	0,00236097	0,01148311
0,01234834	0,00189625	0,00190812	0,00263358	0,00018418	0,0026874	0,00669733
0,01204541	0,00226385	0,00271154	0,00137577	0,00021627	0,00351473	0,00461387
0,02247254	0,00208453	0,00460505	0,01078533	0,00030944	0,0047923	0,00033693
0,0112562	0,00182004	0,00249607	0,00082711	0,00031088	0,0029885	0,00587908
0,00204876	0,00030259	0,00054779	0,00132776	2,40E-05	0,00035738	0,03171951
0,00474323	0,00055139	0,00052405	8,23E-05	2,44E-05	0,00108622	0,03436681
0,00399388	0,00182453	0,00156301	0,00075578	0,00070318	0,00147737	0,01628264
0,00875305	0,00132917	0,00169631	0,00134011	0,00013316	0,00180942	0,0063329
0,00338802	0,00049536	0,00074681	0,00349361	5,68E-05	0,00055718	0,02449959
0,00786818	0,0017528	0,00148998	0,00097525	9,94E-05	0,00156742	0,00992223
0,01545734	0,00136728	0,00387284	0,00163364	0,00015855	0,00335995	0,00545276
0,0162625	0,00078899	0,00188073	0,00144847	0,00014298	0,00198108	0,00411192
0,00132332	0,00307076	0,00097141	0,00172006	0,00017268	0,0053354	0,01208821
0,00498238	0,00119468	0,00166892	0,00087512	0,00030776	0,00145204	0,01014914
0,0050621	0,00161159	0,0010554	0,00163913	0,00014849	0,00144641	0,01160688
0,01081775	0,00141659	0,00149911	0,00155683	0,00014897	0,00253263	0,00535649
0,02062308	0,00110054	0,00511631	0,00195324	0,00058295	0,0023272	0,00522585
0,00366703	0,00237816	0,00119782	0,00657023	7,62E-05	0,00133948	0,00768062
0,00302929	0,00064777	0,00071395	0,00034703	4,26E-05	0,00054029	0,00852638
0,00911178	0,00147935	0,00177482	0,00129484	0,00017196	0,00199515	0,00590658
0,00719057	0,00206884	0,00294891	0,00228244	0,00042512	0,00278026	0,00900771
0,00659269	0,00156004	0,00307855	0,00143475	0,00034632	0,00269584	0,00504707
0,00914367	0,00168108	0,0012946	0,00111516	0,0002007	0,00203173	0,00770812
0,00129143	0,00117675	0,00369572	9,46E-05	1,70E-05	0,0007429	0,01014227

0,02295882	0,00047967	0,00116313	0,00316578	0,00013556	0,0015646	0,00548026
0,0154414	0,00116555	0,00308403	0,00291614	0,00027711	0,00289283	0,00416005
0,00513385	0,00065898	0,00038162	3,43E-05	8,86E-06	0,00271554	0,00157463
0,04763955	0,00052001	0,00011686	0,00624926	1,03E-05	0,00012945	0,00214535
0,00592306	0,00156676	0,00107183	0,00129484	0,00014227	0,00266207	0,00765999
0,0244336	0,00129779	0,00136033	0,00112339	0,00014442	0,00165465	0,00772188
0,01071412	0,00253954	0,00078881	0,0008614	0,00013173	0,002648	0,00570717
0,00830663	0,00174159	0,00065552	0,00134834	0,00025004	0,00316297	0,00931713
0,00435261	0,00064553	0,00134025	0,00118511	0,00012502	0,00144078	0,00787315
0,01057062	0,00104675	0,0019136	0,00202456	0,00021819	0,00251856	0,00680048
0,00520559	0,00137176	0,00092941	0,00162953	0,00014682	0,0015843	0,00982597
0,01373543	0,00071053	0,00161414	0,00144847	9,87E-05	0,00131134	0,00874642
0,00400185	0,00106244	0,00146624	0,00063096	0,00016023	0,00196701	0,01628951
0,01906857	0,00071726	0,00012782	0,00029216	4,12E-05	0,0009427	0,00891144
0,01392676	0,00151745	0,00061169	0,00049517	0,00036596	0,00244539	0,00312863
0,01089747	0,00099744	0,00123617	0,00466912	0,00011161	0,00125787	0,01420605
0,00907192	0,00132693	0,00241756	0,00135657	0,00028932	0,0027268	0,00603035
0,00037468	0,00261127	0,00069204	0,00040327	4,79E-06	0,00209364	0,0057003
0,00964589	0,00136055	0,00164701	0,00207669	0,00016047	0,00188822	0,00768062
0,00539692	0,00076657	0,00378154	0,00499008	6,23E-06	0,0010834	0,00235851
0,00758917	0,0018716	0,0011467	0,00132913	0,00015089	0,0031489	0,00691049
0,00385039	0,00086519	0,00158858	0,00055826	0,00015161	0,00325865	0,01704588
0,01619075	0,00108261	0,00189716	0,00086826	0,00020645	0,00200078	0,00761186
0,00586725	0,00065002	0,00109192	0,00201496	0,00016454	0,00050371	0,01648892
0,00857767	0,00156676	0,00528795	0,00127701	0,0001837	0,00311795	0,00348619
0,00263867	0,00076209	0,0016817	0,0005322	8,84E-05	0,00150832	0,0089802
0,00863347	0,00173711	0,0011467	0,00101914	0,00016622	0,00327553	0,00450385
0,00314089	0,00061415	0,00065917	0,00093821	0,00010993	0,00124662	0,01304399
0,00987708	0,00075761	0,00048388	0,00195324	3,33E-05	0,00015477	0,01171002
0,00442436	0,00099968	0,00102801	0,00063233	3,07E-05	0,00373141	0,00577594
0,00813922	0,00061415	0,00115218	0,00120843	0,00013029	0,00110592	0,01370409
0,04524003	0,00046174	0,00111018	0,00267336	1,72E-05	0,00038271	0,00435946
0,00785223	0,00116779	0,00028485	0,00115768	7,28E-05	0,00173626	0,01241138
0,00440841	0,00039898	0,00041997	0,0022989	5,39E-05	0,00010131	0,01479052
0,0010762	0,00736311	0,00021729	0,00514097	3,93E-05	0,00042211	0,01151749
0,00116388	0,00257093	0,00035606	0,0002277	0,00023399	0,0015646	0,00330741
0,0008211	0,00127538	0,00107001	8,92E-05	0,00033602	0,00065848	0,00378874
0,00926325	0,00094364	0,00135668	0,00058981	0,00022274	0,00273243	0,00462075
0,01847069	0,00104451	0,00132381	0,00091078	5,10E-05	0,00121848	0,00311488
0,00824285	0,00159814	0,00119782	0,00080791	0,00013867	0,00251012	0,00556278
0,01785686	0,0018828	0,00117043	0,00127427	0,00045027	0,00269022	0,00479265
0,00335613	0,00075536	0,00059161	0,00020026	0,00016095	0,00609519	0,01585632
0,0145645	0,00107365	0,00110835	0,00136891	0,00012502	0,00191073	0,01104304
0,01214904	0,00109382	0,00142972	0,0012729	0,00014418	0,00217806	0,00699301
0,01973023	0,0007195	0,00104627	0,00115082	5,89E-05	0,00091175	0,00872579
0,00538097	0,00204867	0,00072125	0,000871	0,0001176	0,00183475	0,00660107
0,00018335	6,72E-06	0,00226966	0,00025787	7,19E-06	1,69E-05	0,00022691
0,01328901	0,00072398	0,00200307	0,00077773	0,00018585	0,0014042	0,00344493
0,00409751	0,00075536	0,00044553	0,00088609	8,21E-05	0,000802	0,01483865
6,38E-05	4,48E-06	0,00163788	9,60E-06	1,44E-06	0,00574907	0,0051227

0,01203744	0,00168556	0,00027024	0,00368152	0,0001255	0,00249323	0,00469639
0,00070152	0,00388216	7,12E-05	0,01594961	0,0003092	0,00230469	0,00245477
0,00501427	0,00152193	0,0095552	0,00071052	9,65E-05	0,00071195	0,01195756
0,00054208	0,00022414	7,30E-05	0,00092724	0,00021052	0,00011819	0,00472389
0,00752539	0,00125969	0,00131834	0,001026	0,00013891	0,00201766	0,00365809
0,00585928	0,00197246	0,00077238	0,00037309	0,00016981	0,00236942	0,0125214
0,00679198	0,00168108	0,00141329	0,00193541	7,35E-05	0,00207394	0,0074262
0,00621801	0,00157125	0,00137859	0,00084494	0,00034704	0,002648	0,00807256
0,00702317	0,00057381	0,00092576	0,00065017	6,20E-05	0,00466848	0,00885643
0,00312495	0,0014928	0,00186064	0,00086963	0,00013269	0,00117908	0,01633077
0,00689562	0,00155331	0,00470182	0,00042521	0,00013005	0,00177284	0,00683486
0,00605858	0,00044829	0,00067012	0,00052672	0,00017891	0,00231032	0,00801755
0,00121172	0,00307301	0,00034328	1,37E-06	0,00116638	0,00131415	0,00045382
0,01303391	0,00067019	0,00235365	0,00010562	9,32E-05	0,00182349	0,00171215
0,01080181	0,00078226	0,00262024	0,00088472	0,00012358	0,00223153	0,0065048
0,00302132	0,00100192	0,00175656	0,00108498	0,00011927	0,0012832	0,01069236
0,00734204	0,00086744	0,00088924	0,00112613	0,00016885	0,00070069	0,0054115
0,00608249	0,001309	0,00109192	0,00278446	5,29E-05	0,01063986	0,00132709
0,00647311	0,00245437	0,00212175	0,00136617	7,47E-05	0,00310106	0,00256479
0,00136318	0,00052898	0,00073951	0,00172554	0,00038895	0,00109466	0,00297048
0,00564404	0,00030932	0,00185334	0,00116042	1,27E-05	0,00025045	0,00510208
0,00166611	0,00102209	0,00281927	0,00113436	0,00014466	0,00258891	0,00962656
0,01441304	0,00087864	0,00146259	0,0010068	0,00011592	0,00167716	0,00499893
0,00459176	0,00118796	0,00083081	0,00065977	0,00018274	0,00156742	0,0089802
0,00357137	0,00055588	0,00032685	0,00082985	3,57E-05	0,00083577	0,00592721
0,01126417	0,0002757	0,00082898	0,00189014	7,69E-05	0,00070069	0,00694487
0,02169927	0,00084278	0,00128547	0,00155409	0,00012406	0,00126069	0,00642917
0,00584334	0,00147486	0,00099332	0,0018147	8,89E-05	0,00150551	0,00877392
0,00817111	0,00086295	0,00134573	0,00133188	0,00018609	0,00184319	0,00801067
0,01062643	0,00225488	0,00087463	0,0040697	0,00010969	0,00230469	0,00468263
0,00068558	0,0012171	4,56E-05	0,0001646	4,19E-05	0,00081044	0,00695863
0,0091357	0,00293404	0,00121608	0,00040464	0,00011065	0,00606987	0,00635353
0,00302132	0,00082261	0,00170544	0,00038269	8,98E-05	0,0024876	0,01148999
0,02387558	0,00050432	0,00072855	0,00108635	5,20E-05	0,00076823	0,00493017
0,00937485	0,00088761	0,00116678	0,00106989	7,50E-05	0,00147455	0,00643604
0,00182555	0,00182004	0,00041997	0,00133462	0,00011185	0,00070351	0,01534061
0,0041852	0,00213833	0,00112296	0,00087237	3,62E-05	0,00292378	0,01424731
0,00778049	0,00125969	0,00242486	0,00159386	0,00017987	0,0022062	0,00605786
0,00389024	0,00091451	0,00136946	0,00074481	8,62E-05	0,00229625	0,01331903
0,00055803	6,28E-05	0,0002319	0,03119556	2,40E-05	4,50E-05	0,00614037
0,00680793	0,00096606	0,0008162	0,00182842	0,00011065	0,0012438	0,00931713
0,00306915	0,00060519	0,00252529	0,00017832	1,34E-05	0,00037427	0,00623664
0,00057397	0,00048191	0,00036519	6,72E-05	1,05E-05	0,00030673	0,00517084
0,00071746	8,07E-05	0,00662637	0,00187505	1,39E-05	0,0001801	0,00890457
0,01200555	0,0009414	0,00147354	0,00137577	0,00012598	0,00136481	0,00706177
5,58E-05	0,00016363	0,00173831	4,25E-05	1,29E-05	0,00136199	0,00105892
0,00848201	0,00091002	0,00172552	0,0006968	4,19E-05	0,00368638	0,00380937
0,01203744	0,00092795	0,00114122	0,00099445	0,00010394	0,00136481	0,00854013
0,00903206	0,00132469	0,00073403	0,00152528	8,65E-05	0,00122692	0,00737119
0,00339599	0,00117675	0,00155388	0,00064194	0,00016047	0,0023666	0,00350682



0,00258287	0,00075761	0,00135303	0,00054866	0,00012478	0,00184601	0,01763723
0,00220819	0,00125296	0,00159406	0,00067348	0,00030704	0,00209927	0,01013539
0,00271839	0,0001838	0,00049118	7,41E-05	2,47E-05	0,00012663	0,00129959
0,00384241	0,00014121	0,00056605	0,0024827	4,17E-05	0,00022231	0,01548501
0,00267853	0,00099744	0,00299639	0,0008614	1,77E-05	0,00086672	0,0026198
0,01555301	0,00052898	0,00061717	0,00099719	0,00012406	0,00169968	0,00421506
0,00427289	0,00114986	0,00222218	9,88E-05	1,03E-05	0,00291534	0,00513646
0,00639339	0,00179091	0,00098236	0,00069954	0,00013987	0,00236942	0,00665608
0,00250315	0,00212936	0,00087828	0,00033468	0,00013819	0,0022062	0,01570504
0,00070152	9,86E-05	0,00871891	7,00E-05	4,31E-06	0,00041366	0,0002888
0,00601075	0,00115434	0,00067925	0,00069131	0,000137	0,00089768	0,00761873
0,00446422	0,00026897	0,01103422	0,00223031	4,07E-05	0,00073165	0,00470326
0,00797978	0,00104451	0,00183143	0,00058158	0,0001061	0,00234409	0,00207659
0,01508267	0,00034294	0,00137677	0,00033743	0,0002122	0,00109466	0,00160901
0,0040736	0,00098623	0,00138407	0,00079693	8,31E-05	0,00163214	0,0055559
0,00436855	0,00049984	0,0006756	0,0022262	5,51E-05	0,00093989	0,01417167
0,00279013	0,00087192	0,00109922	0,00384612	8,12E-05	0,00092863	0,00794191
0,01642193	0,00041018	0,00096045	0,00142104	0,00018514	0,00061627	0,00165714
0,00925527	0,00086071	0,00193733	0,00100817	0,00010562	0,00200078	0,00400877
0,00747756	0,00042139	0,00075777	0,00150608	3,57E-05	0,0009624	0,0114556
0,00253504	0,00201505	0,00028667	0,00019752	6,61E-05	0,00079637	0,01074737
0,00638542	0,00085399	0,0014005	0,00099171	9,53E-05	0,00145767	0,00499893
0,00914367	0,00096382	0,00084907	0,00138949	9,41E-05	0,00162932	0,00427007
0,00326844	0,0009683	0,00092941	0,00029353	0,00013532	0,00125506	0,00568655
0,00482295	0,00125744	0,00070299	0,00186408	0,00012287	0,00267333	0,00411192
0,0126991	0,00060519	0,0007249	0,0002757	8,77E-05	0,00112843	0,00488204
0,00621801	0,00023759	0,0009568	0,00228518	8,81E-05	0,00086672	0,01029354
0,00353151	6,50E-05	0,00120513	0,00214115	1,17E-05	0,00021668	0,0041738
0,00545272	0,00171021	0,00132199	0,0014032	0,00012646	0,00088079	0,00794879
0,00747756	0,00055588	0,00055144	0,00506964	0,00012526	0,00741779	0,00588595
0,00170597	0,00074192	0,00084542	0,00051849	0,00048236	0,00108903	0,02081399
0,00267056	3,59E-05	4,20E-05	0,048189	3,59E-06	3,10E-05	0,00220036
0,00082907	0,01411431	0,00117409	0,00101914	0,00107034	0,00091456	0,00927588
0,00280608	0,00093692	0,00145528	0,00187643	0,00010514	0,00202892	0,00945466
0,00146681	0,00011431	0,00302743	0,0039394	2,08E-05	0,00024201	0,00235163
0,00284594	0,00048191	0,00077786	0,00033468	8,00E-05	0,00178691	0,01406165
0,00472728	0,00112296	0,00120695	0,00081476	9,68E-05	0,00184319	0,00354807
0,00369892	0,00011656	0,00045831	0,0036006	2,87E-05	0,00016321	0,00579656
0,00045439	0,0004326	0,00015521	0,00092587	3,71E-05	0,001483	0,00787315
0,00625787	0,0007733	0,00059526	0,00072149	1,58E-05	0,00072039	0,00145774
0,00845012	0,00083157	0,00177848	0,00014951	0,00033794	0,0007626	0,00442134
0,00783629	0,00107365	0,00235182	0,00435638	6,63E-05	0,00102712	0,00691737
0,00110011	0,00264265	0,0013439	0,00024416	1,32E-05	0,00169123	0,00355495
0,00621004	0,00043708	0,00112661	0,0012002	8,55E-05	0,00041085	0,01049295
0,00259084	0,00065898	0,00058248	0,00076538	2,06E-05	0,00131134	0,00872579
0,00018335	0,0004057	0,00062265	9,88E-05	2,40E-06	0,00896832	0,00215222
0,00867333	0,00081812	0,00468539	0,00231536	0,00028932	0,00073446	0,0067936
0,01510658	0,00102209	0,00041449	0,0004403	4,55E-05	0,00078512	0,00257854
0,00583537	0,00012328	0,0001826	0,00079419	2,40E-06	0,0003208	0,0267137
0,00100445	0,00146366	0,00038528	0,00056512	0,00027327	0,00312076	0,00499893

0,00453596	0,00043036	0,00092941	0,00017969	0,00010418	0,00105526	0,0104792
0,00558824	0,00104451	0,0001406	0,00072012	0,00013005	0,00204862	0,00550777
0,00335613	0,00089433	0,00103714	0,00122215	0,00010706	0,00141546	0,00442822
0,00592306	0,00069036	0,00105357	0,00047734	7,09E-05	0,00158993	0,00596847
0,00249518	0,00092123	0,00047475	0,00074344	7,19E-05	0,00115657	0,00709615
0,00507804	0,00019949	0,00014425	0,00216173	2,08E-05	0,00039959	0,0112562
0,0008769	0,00260455	0,0001479	0,00135245	3,64E-05	0,00315453	0,00983972
0,00416129	0,00064329	0,00181317	0,00137028	2,28E-05	0,00068662	0,00357558
2,39E-05	0,00100416	0,00038893	2,74E-06	3,35E-06	6,75E-05	0,0008939
0,00346774	0,00029587	0,00075594	0,00047185	1,39E-05	0,00016603	0,00905584
0,01129606	0,00031604	0,00226783	5,90E-05	0,00010778	0,00105526	0,00193906
0,00154653	0,00345181	0,00232078	0,00150196	2,11E-05	0,00384115	0,00560403
0,00817111	0,00010983	0,00195194	0,00799675	7,42E-06	0,00014633	0,00049508
0,00125955	0,00073743	0,00070482	0,00173652	0,00012574	0,00127476	0,00386438
0,00401779	0,00041915	0,00030311	0,00020301	0,00018945	0,0004812	0,00462762
0,00310104	0,0006814	0,0013366	0,00065428	0,00010873	0,00123255	0,00373373
0,00589117	0,00013673	0,00223862	0,00038544	0,00016286	0,00081326	0,00776313
0,01168668	0,00023535	0,0008162	0,00148825	2,20E-05	0,00052904	0,0072268
0,00797978	0,00035863	0,00024285	0,0013744	5,80E-05	0,00141264	0,00726118
0,00313292	0,00016138	0,00065734	0,00015911	4,50E-05	0,00071476	0,00459324
0,00448016	0,00012552	0,00063178	0,00083945	1,96E-05	0,0003602	0,01316776
0,00598683	0,00061639	0,00069021	0,00110693	5,34E-05	0,00098491	0,0036856
0,00176974	0,00077554	0,00088559	0,00050477	0,00022202	0,00134511	0,01102929
0,00542083	0,00078002	0,00101523	0,00031548	0,00017819	0,00205143	0,00719241
0,00375472	0,00042811	0,00022277	0,00287636	5,96E-05	0,00019417	0,00641541
0,00870522	0,00040794	0,00013877	0,00127015	6,92E-05	0,00038552	0,01023166
0,00228791	0,00081812	0,00039258	0,00022084	5,44E-05	0,0015449	0,00515709
0,00239952	0,00058726	0,00156667	0,00033468	4,98E-05	0,00079919	0,00858827
0,00047034	0,00045501	0,00138772	0,00031137	2,87E-05	0,00097366	0,00733681
0,0025749	0,00115882	0,0002319	0,00109458	6,25E-05	0,00077667	0,01325027
0,00105228	0,00075312	0,00151919	0,00020026	5,01E-05	0,00125506	0,01685335
0,00085298	0,00032725	0,00058613	0,00237022	6,25E-05	0,00113968	0,00841636
0,00424898	0,0006814	0,00058613	0,00037309	7,83E-05	0,00066411	0,00621601
0,00098053	0,00024656	0,00041814	0,00038406	7,76E-05	0,00083858	0,00711678
0,00457582	0,00062312	0,00074864	0,00065565	7,88E-05	0,00106089	0,0050677
0,00040656	9,41E-05	0,00020633	0,00022221	2,11E-05	0,00027015	0,00098328
7,17E-05	0,00544444	2,56E-05	0,00010013	9,34E-06	0,0044321	0,00560403
0,00519762	0,00053122	0,00165796	0,00096702	9,08E-05	0,00110873	0,00226224
0,00504616	0,00061415	0,00021364	0,00182156	7,04E-05	0,00095396	0,00460012
0,01037133	0,00025328	0,00068656	0,0014567	8,72E-05	0,00058251	0,00482703
0,00109214	0,00039449	0,00029033	0,00045539	0,00020573	0,00103556	0,00617475
0,00960603	0,00049312	0,00158493	3,98E-05	1,68E-05	0,00035175	0,00116894
0,00203281	0,00066795	0,00039075	0,00047459	5,80E-05	0,00061065	0,00743308
0,00642528	0,00067915	0,00069751	0,00083397	1,39E-05	0,00111154	0,00495768
0,0038185	0,00054915	0,0004857	0,00025924	0,00010131	0,00055155	0,00792128
0,00302132	0,00094813	0,00072308	0,00047871	7,86E-05	0,00083858	0,00719241
0,00167408	0,00010535	0,00041632	0,0052068	1,25E-05	0,00016884	0,00401565
0,00052614	0,00057157	0,00021546	0,0154613	1,17E-05	0,00057406	0,0051227
0,00436855	0,00058053	0,00047657	0,00137166	5,51E-05	0,00069788	0,00854701
0,00011958	0,00351009	3,10E-05	0,00168302	2,63E-06	0,01149813	0,00522585

0,00514979	0,00082261	0,0008089	0,00092724	6,85E-05	0,00071476	0,00893207
0,01062643	0,00077105	0,00010043	0,00076401	8,05E-05	0,00115094	0,0041738
0,01979401	0,00117675	3,29E-05	0,00021947	1,22E-05	5,35E-05	0,00099016
0,00035873	0,00072174	0,00067378	7,82E-05	0,00045122	0,00455873	0,00503332
0,00353948	0,00080019	0,00131468	0,00074481	4,86E-05	0,00139857	0,00766687
0,00801167	0,00085623	0,00086368	0,0005953	6,59E-05	0,00117345	0,0021591
0,00083704	0,00022863	0,00498119	2,06E-05	1,25E-05	0,00034894	0,00030255
0,00068558	0,00040122	0,00069021	0,00026199	6,95E-06	0,00017728	0,0102179
0,00723841	0,00080916	0,00011138	0,0013648	2,30E-05	0,00043336	0,00288797
0,00169002	0,00019052	0,00088376	0,00030999	6,04E-05	0,00057125	0,0066217
0,00262273	0,00053122	0,00029763	0,00077361	4,10E-05	0,00067255	0,01273456
0,00082907	0,00181332	0,00164153	0,0001742	4,91E-05	0,00053185	0,01181316
3,19E-05	0,00044605	6,03E-05	2,61E-05	1,20E-06	0,00085265	0,00079763
0,00306118	0,00091226	0,00022094	0,00030039	3,93E-05	0,00077667	0,00633978
0,00011161	0,00010311	0,00088376	6,31E-05	5,27E-05	0,00014352	0,00311488
0,00109214	0,00122606	0,0002465	0,0004938	4,48E-05	0,00055718	0,00510208
0,00151464	0,00126865	0,00055326	0,0002661	6,51E-05	0,00058813	0,01028667
0,00034279	0,00022639	0,00065369	4,39E-05	2,63E-06	0,00034331	0,00199407
0,00377067	0,00023535	4,38E-05	0,00017694	1,15E-05	8,16E-05	0,0013821
0,00613032	0,00062536	0,00059709	0,00024141	9,08E-05	0,00081326	0,00413254
0,00089284	6,95E-05	8,76E-05	0,02222494	4,55E-06	0,00011256	0,0016709
0,0008769	0,00057157	0,00026476	6,72E-05	2,85E-05	0,00046994	0,00699301
0,00829068	0,00048191	0,00036702	0,00090804	1,22E-05	0,00077949	0,00307362
0,00083704	0,00052898	0,00105905	0,00065154	2,63E-05	0,00032924	0,00353432
0,00261475	0,00108261	0,00095132	0,00393117	2,90E-05	0,00095396	0,0029086
0,00192121	0,00061191	0,00052953	0,00042521	4,14E-05	0,00042211	0,00574843
0,00476714	0,00020173	0,0004291	0,00079419	2,47E-05	0,00092019	0,0102179
0,00143493	0,00023759	0,00048205	0,00155271	5,34E-05	0,00061627	0,00498518
0,0207586	0,00016138	0,00066282	0,00021535	2,63E-06	0,00057406	0,0014096
0,00014349	0,00015242	0,00077786	3,84E-05	1,17E-05	0,00024201	0,00019941
7,97E-05	0,00114537	0,00059343	7,96E-05	5,92E-05	0,00161807	0,00325928
0,00153856	0,0002219	0,00026111	0,00557578	3,21E-05	0,00029547	0,00462075
0,00140304	0,00164297	0,00037615	0,00036486	5,01E-05	0,00081888	0,01119431
0,00448016	0,00060967	0,0002465	0,00098759	4,26E-05	0,00103838	0,00301174
0,00247923	4,48E-05	0,00064639	0,00089843	1,03E-05	0,00011256	0,00292235
0,00115591	0,00048191	0,00044736	0,00029628	6,27E-05	0,00155616	0,00590658
0,00022321	5,83E-05	3,47E-05	2,33E-05	3,35E-06	0	0,03311536
0,00165017	0,00054467	0,00030859	0,00064605	7,21E-05	0,00101024	0,00585157
0,00296551	0,0002488	0,00057335	0,00084631	5,72E-05	0,00072039	0,00946841
0,00570782	0,00060743	0,00048023	0,00154311	4,24E-05	0,0008217	0,00205596
0,00411346	0,00055363	0,00060987	0,00074344	0,0006445	0,00020542	0,00204908
0,00136318	0,0007733	0,00063908	0,00068034	5,34E-05	0,00103275	0,0041463
0,00285391	0,00074416	0,0004857	0,00268296	8,14E-06	0,00059658	0,00367872
0,00113997	0,00059622	0,00012964	0,00944248	5,68E-05	0,00078793	0,00890457
0,00314887	0,00033622	4,56E-05	0,00117825	3,59E-06	7,32E-05	0,01383474
0,00247126	0,00047294	0,00031589	0,00018517	5,60E-05	0,0009821	0,00415317
0,00507007	0,00073743	0,00033963	0,00065154	6,20E-05	0,00079919	0,00239976
0,00545272	0,00033173	0,00016981	0,00026747	3,11E-05	0,00046713	0,00327991
0,00660066	0,00039225	0,00029763	0,00042659	8,96E-05	0,00093145	0,00134772
0,00313292	0,00025104	0,00217288	0,00181333	2,87E-05	0,00038834	0,00336242

0,00282202	0,00018156	3,47E-05	0,00015088	9,58E-06	0,00235253	0,0006326
0,00098851	0,00070381	0,00059161	0,00020712	6,95E-05	0,00139295	0,00158151
0,0015545	0,00010535	0,00096045	0,00078322	1,15E-05	9,57E-05	0,00141648
0,00210456	0,00033173	0,00027572	0,00028256	4,22E-05	0,00054029	0,00717179
0,00238357	0,001244	0,00021364	0,00436872	5,75E-06	0,0007823	0,00286734
0,00301335	0,00079571	0,00016981	0,00083534	5,08E-05	0,00075416	0,00545276
0,00270244	0,00011656	0,00055692	0,00234416	2,80E-05	0,00045306	0,00597534
0,00055803	0,00028915	0,00068291	0	2,73E-05	0,00106933	0,00029567
0,00242343	0,00050432	0,00039806	0,00063233	4,89E-05	0,00069788	0,004607
0,00058991	0,00030708	0,00034328	0,00020026	7,78E-05	0,00031517	0,00242039
0,00951834	0,00032501	0,00032502	0,00245526	2,28E-05	0,00065567	0,00125833
0,0013871	0,00023759	0,00059891	0,00039504	6,47E-05	0,00088923	0,00556965
0,00220022	0,00024432	0,00055692	0,00065565	7,02E-05	0,00075979	0,0069655
0,01016406	0,00019501	0,0002885	0,00092175	0,00024765	0,00045869	0,00545963
0,00270244	0,00027346	0,00029215	0,00074207	1,29E-05	3,94E-05	0,00285359
0,0050063	0,00045725	0,00058065	0,00053357	0,00015783	0,00084421	0,00316301
0,00163422	0,00048863	0,00033598	0,00364312	3,69E-05	0,00052622	0,00550777
0,00106822	0,00078674	0,00026294	0,00019889	2,56E-05	0,00324458	0,00132709
0,00351557	0,00017259	0,00050944	0,00012894	1,56E-05	0,0004812	0,00237914
0,00227994	0,00042587	0,00010408	0,00037583	2,47E-05	0,00079637	0,00267481
0,0020647	0,00024208	0,00015521	0,00014402	0,00018897	0,00094833	0,00429757
0,00392213	0,00027794	0,00038893	0,0006049	4,07E-05	0,00032643	0,00291547
0,00286985	0,00033173	0,00048023	0,00043619	6,35E-05	0,00057969	0,00313551
0,00774063	0,00056708	0,00030859	0,00065428	7,50E-05	0,00066411	0,00299111
0,00558027	0,00072174	0,00026659	0,00011796	4,55E-06	0,00023919	0,00116206
0,00027901	0,00026673	4,56E-05	0,00032783	7,19E-06	0,00054874	0,00156088
0,00793992	0,0001569	0,00052405	0,00088472	3,83E-06	0,00053467	0,00105205
0,0056839	0,00123727	0,00056787	0,00055278	2,40E-06	0,00190229	0,00017878
0,01670095	0,00014121	0,00015338	0,00014265	6,95E-06	0,00021387	0,00029567
0,0014987	0,00024208	0,00025016	0,00030314	4,48E-05	0,0010018	0,0047789
0,0028858	6,50E-05	0,00028667	0,01214052	1,44E-06	7,60E-05	0,00033693
0,00700722	0,00021518	0,00019173	7,82E-05	0,00021412	0,00034331	0,00264043
0,00539692	0,00019949	0,00059891	0,00042933	2,30E-05	0,00036582	0,00200783
0,00275825	0,00052674	0,00038345	0,00066937	1,27E-05	0,00039396	0,00374748
0,00512588	8,97E-05	0,00028302	0,00025239	1,92E-05	0,00016321	0,00318364
0,00094067	0,0004057	0,00039075	0,00022084	4,29E-05	0,00056281	0,0055559
0,00051817	0,00023535	0,00036519	0,00019889	1,60E-05	0,00029266	0,00171903
0,00165814	0,00013225	0,00042362	0,00239354	1,56E-05	0,00029266	0,00336242
0,00099648	0,00035415	0,00026111	0,00042796	2,56E-05	0,00061346	0,00548714
0,00174583	0,00024432	0,00016981	6,86E-05	3,95E-05	0,00059658	0,00429757
0,00310901	0,00053122	0,00010591	0,00067623	4,14E-05	0,0008217	0,00350682
0,00048628	0,00081812	0,00037249	5,21E-05	3,69E-05	0,00067537	0,00158838
0,00021524	0,00035415	0,00077238	0,00026336	4,79E-06	0,00020824	0,00537712
0,00065369	0,00024656	0,00088741	8,78E-05	1,65E-05	0,00040804	0,00816882
0,00086096	0,00047294	0,00038345	1,65E-05	3,02E-05	0,00093426	0,00530148
0,00169002	0,00037432	0,00017164	0,00024964	2,28E-05	0,00055155	0,00216598
0,00610641	0,00078002	0,00018807	0,00071326	0,00013963	4,22E-05	0,00041944
0,00106025	5,38E-05	8,22E-05	0,00633842	1,44E-05	0,00013226	0,00419443
0,00109214	0,00019052	0,00010591	0,00649067	1,92E-05	0,00027296	0,00405691
0,00031887	0,00017035	8,03E-05	3,84E-05	5,03E-06	7,04E-05	0,00055697

0,00689562	0,00023087	0,00030493	7,41E-05	2,87E-06	0,00023919	0,00103829
0,00086096	0,00035639	0,00035606	0,00023318	6,80E-05	0,00055436	0,00583094
0,00222414	0,00011207	0,00011138	1,65E-05	4,79E-06	0,00015759	0,01184754
0,00080515	0,00071278	0,00020451	0,00035526	3,86E-05	0,00046713	0,00496455
0,00083704	0,00026001	0,00016434	0,00010699	4,12E-05	0,00028422	0,00143023
0,00358732	0,00019276	6,03E-05	0,00106303	1,99E-05	0,00015196	0,00271607
0,0018096	0,00011656	0,00031589	5,90E-05	2,63E-06	0,00015477	0,00401565
9,57E-05	1,34E-05	0,00031041	6,58E-05	1,68E-06	9,29E-05	0,00102454
0,00053411	0,00048415	0,00034328	0,00052397	4,00E-05	0,00021668	0,00444197
0,00043048	0,00045949	0,00028302	0,00018517	6,08E-05	0,00017728	0,00521897
0,00454393	0,00019052	0,00082716	0,00020712	3,57E-05	0,00027296	0,00042632
0,00058991	0,00013	4,56E-05	0,00099582	2,40E-06	4,22E-05	0,00067386
0,00039062	0,00695069	8,76E-05	0	4,55E-06	0,00081888	0,0001444
0,00610641	2,91E-05	1,10E-05	3,02E-05	0	4,78E-05	0,00245477
0,00259881	0,0001838	0,00068291	0,00012071	2,11E-05	0,00014914	0,00396752
0,00039062	0,00010311	0,0041869	0,0004115	8,55E-05	0,00025045	0,00166402
0,00133926	0,00034518	0,00047657	0,00020163	1,48E-05	0,00040804	0,00268168
0,00179366	0,00028242	0,00025563	7,00E-05	3,83E-06	0,00025045	0,00421506
0,00115591	0,00013225	0,00022277	0,00017283	1,75E-05	0,0001801	0,00226224
0	2,24E-06	7,30E-06	0	1,44E-06	8,44E-06	0
0,00020727	0,0002869	0,00011504	0,00343188	8,86E-06	0,00074009	0,00122395
0,00050222	7,85E-05	0,00171092	0,00625201	5,03E-06	0,00039959	0,0021591
0,00055803	2,91E-05	8,95E-05	0,00054729	3,98E-05	7,88E-05	0,00374061
0,00708694	8,97E-05	0,00042727	0,00047871	2,42E-05	0,00021949	0,00070136
6,38E-05	2,24E-06	3,65E-06	0,01343811	1,20E-06	3,38E-05	0,00052259
0,00340396	3,36E-05	3,65E-06	0	7,66E-06	1,41E-05	4,13E-05
0,00847404	0,00033173	2,92E-05	5,49E-05	9,58E-06	9,00E-05	0,00101767
0,00027104	0,00013	7,67E-05	0,00078733	1,05E-05	0,00010412	0,00193219
0,00363515	7,17E-05	3,83E-05	8,37E-05	1,03E-05	0,00020542	0,00365809
0,00106822	0,00017483	0,00017529	0,00090392	2,13E-05	0,00046994	0,00374748
0,00191324	0,00028242	0,00014608	9,05E-05	6,54E-05	0,00070069	0,00154025
0,00314887	0,00033397	0,00022094	0,00024964	3,23E-05	0,00025326	0,00126521
0,00674415	0,00019276	9,13E-06	0,00015637	0	0,00050371	7,56E-05
0,00241546	6,05E-05	0,00012234	0,00010836	2,37E-05	0,00025608	0,00170528
0,00091676	0,00038777	0,00032502	8,23E-06	2,23E-05	0,00030954	0,00085264
5,58E-05	0,00033173	4,75E-05	4,25E-05	2,59E-05	0,00038552	0,00052946
0,00277419	1,12E-05	0	0	5,58E-05	0	0
0,00090879	0,00274127	0	6,17E-05	0	0,00131415	7,56E-05
8,77E-05	0,00033846	7,30E-05	2,61E-05	1,87E-05	0,00033487	0,00356183
0,00043048	0,00021294	0,00068291	1,10E-05	0,00010586	0,00014633	0,00088014
0,00063775	0,00031828	0,00017164	0,00024278	7,66E-06	0,00015196	0,0026473
0,00166611	0,00043932	4,56E-05	0,00010562	1,01E-05	0,00016884	0,00184967
0,00135521	0,0002869	5,11E-05	4,39E-05	0,00018514	0,00026452	8,94E-05
0,00017538	1,79E-05	0,00018625	0,00350732	0,00021268	5,07E-05	0,00333492
0,00010363	4,48E-05	0,00017529	8,23E-06	1,20E-06	4,22E-05	0,00090765
0,00020727	0,00011656	3,47E-05	0,00038818	9,10E-06	0,00020824	0,00024754
0,00050222	0,00012328	9,31E-05	0,00015363	1,03E-05	0,00017447	0,00605098
0,0005102	0,00047294	4,56E-05	0,00011385	1,56E-05	0,0001407	0,00165714
0,00074935	0,00017707	0,00023372	0,00021672	1,84E-05	0,00020542	0,00241352
0,0024314	2,91E-05	6,39E-05	0,00044167	8,14E-06	0,00013789	0,00147149

0,00015146	0,00015018	3,47E-05	0,00011796	2,47E-05	0,00021387	0,00408441
0,00070152	0,0014928	1,46E-05	3,15E-05	2,40E-05	5,63E-05	0,00398815
0,00027104	4,93E-05	0,00016251	0,0002469	4,31E-06	7,60E-05	0,00411879
0,00374675	9,64E-05	1,83E-06	0,000358	5,51E-06	3,38E-05	0,00088014
0,0005102	0,00019949	0,00021181	0,00012482	2,23E-05	0,00018854	0,00360996
0,00078124	0,00032277	6,21E-05	0,000155	2,04E-05	0,00017447	0,00358246
0,00066963	0,00033397	0,00025929	0,00039915	2,97E-05	0,00031517	0,00068074
9,57E-05	7,85E-05	0,00011504	0,00099719	1,03E-05	8,16E-05	0,00063948
0,00046237	3,81E-05	0,00046927	0,00014402	1,87E-05	0,00010412	0,00286734
0,00016741	6,72E-06	0,00012782	1,37E-05	1,20E-06	4,22E-05	0,00013065
0,00047034	5,38E-05	0,00015703	0,00019615	1,15E-05	0,00011819	0,00402253
0,00209659	7,40E-05	0,00045831	0,00083534	3,19E-05	9,85E-05	0,00111393
7,97E-06	6,72E-06	0,00011321	0,00012345	0	5,63E-06	0
0,00055006	0,00041467	3,65E-05	0,00030451	2,01E-05	0,0003011	0,00203533
0,00047034	2,91E-05	0,00025198	0,00061176	7,42E-06	6,19E-05	0,00033005
0,00092473	3,14E-05	7,30E-05	6,45E-05	7,66E-06	4,22E-05	0,00044007
0,00021524	0,00027794	8,76E-05	0,00011522	9,58E-07	0,00069788	0,00167777
0,00063775	6,28E-05	9,86E-05	2,88E-05	7,42E-06	0,00037427	0,00266793
2,39E-05	2,47E-05	0,00010225	3,70E-05	4,07E-06	5,91E-05	0,00019253
0,00108417	0,00026001	5,11E-05	3,98E-05	2,28E-05	0,00024764	0,00082513
5,58E-05	0	1,83E-06	0	0	0	7,56E-05
0,00073341	0,00014794	7,85E-05	6,31E-05	1,27E-05	0,00023075	0,00178779
0,00038265	8,97E-06	6,21E-05	0,00013854	2,63E-06	3,94E-05	0,00207659
0,00028699	5,60E-05	0,00058065	7,41E-05	1,25E-05	0,00018573	0,00381624
0,00027104	0,00017707	1,46E-05	0,00072423	0,00032477	5,63E-05	0,00128583
0,00046237	0,00042811	5,30E-05	4,94E-05	1,68E-05	0,00015759	0,00165714
0,00161031	4,71E-05	8,58E-05	0,00022907	3,59E-06	7,60E-05	0,00050883
9,57E-05	2,24E-06	2,56E-05	3,29E-05	2,40E-06	1,41E-05	0,00028192
0,00202484	0,00017483	6,39E-05	0,00014951	1,27E-05	0,00024201	0,00123082
0,00172988	0,00061639	0,00031406	3,70E-05	9,34E-06	0,0001407	0,00125145
0,00023118	0,00049087	0,00025016	0,00049791	3,66E-05	0,00093707	0,00074262
0,00027104	0,00018828	0,00010408	3,15E-05	2,06E-05	0,00014352	0,00233788
3,19E-05	0,00154883	3,65E-06	0	0	5,63E-06	0,00085264
1,59E-05	2,47E-05	4,75E-05	2,74E-05	0	2,53E-05	0,00057759
0,00012755	0	1,46E-05	2,47E-05	0	0,00015759	0,00015128
0,00047034	0,00035415	4,56E-05	0,00012208	1,63E-05	8,72E-05	0,00133397
0,00102836	0,00014794	7,49E-05	8,78E-05	7,30E-05	0,00018291	0,00090765
0,0003667	6,50E-05	0,00029763	0,00023318	4,31E-06	0,00015196	0,00038506
0,00010363	0,00013225	0,00072673	9,33E-05	1,68E-06	2,81E-05	0,00039194
0,00215239	0,00030484	9,49E-05	0,00019889	1,05E-05	0,00029266	0,0006051
6,38E-05	6,72E-06	0,00010773	0,00359648	4,79E-07	0,00021668	0,00064636
0,0001993	0,00011431	0,00040354	7,13E-05	0,00109141	0,00015477	0,00107267
0,00042251	0,0004326	2,56E-05	0,00035937	1,53E-05	9,00E-05	0,00104517
0,00031887	3,14E-05	3,10E-05	0,00315344	8,38E-06	0,00010975	0,00130646
0,00043048	0,00028915	2,74E-05	0,00014265	1,29E-05	0,00012945	0,00086639
7,97E-05	0,0001569	1,83E-05	6,86E-06	3,98E-05	0,00019135	0,00049508
8,77E-05	0,00035415	4,02E-05	0,00017146	6,71E-06	0,00011819	0,00093515
0,00023915	0,00011207	8,40E-05	6,72E-05	1,68E-05	0,00013507	0,0008939
0,00034279	0,00026001	4,02E-05	0,00019203	2,87E-06	0,00015759	0,00136147
0	2,24E-06	3,65E-06	8,23E-06	2,20E-05	0,00054592	4,13E-05

3,19E-05	2,24E-06	0,00139685	0	0	0	0
0,00830663	0	5,48E-06	0	0	0	0
0,00027104	0,00029363	1,83E-05	0,00020026	1,96E-05	0,00014352	0,0006326
0,00038265	4,26E-05	4,56E-05	0,00093958	6,71E-06	4,50E-05	0,00067386
0,00038265	6,72E-05	0,00021729	0	0	5,07E-05	0,00045382
3,19E-05	0	9,13E-06	0	2,66E-05	0	0
1,59E-05	0,00017483	3,65E-06	8,23E-06	6,47E-06	0,00011256	9,63E-05
0,00028699	2,91E-05	3,65E-05	0,0001111	5,03E-06	4,78E-05	0,00090077
0,00183352	3,59E-05	4,38E-05	3,15E-05	4,79E-06	5,07E-05	0,00175341
0,00054208	6,50E-05	2,01E-05	5,62E-05	8,14E-06	3,66E-05	0,00212472
3,19E-05	6,72E-06	3,65E-06	1,23E-05	0	0	0,00012377
0,0002551	0	0,00043823	8,78E-05	7,19E-07	0	0,00015815
0,00220819	0,00046398	7,30E-06	0,00080379	1,44E-06	0,0003405	0,00067386
0,00208064	6,05E-05	3,65E-06	0,00213978	2,40E-06	2,53E-05	0,00038506
0,00055006	3,36E-05	6,39E-05	0,00225089	4,07E-06	5,07E-05	0,00039882
0,0038743	4,48E-05	7,30E-05	3,43E-05	4,07E-06	5,91E-05	0,00011002
0,00019132	0,00014121	8,03E-05	5,35E-05	6,71E-06	0,00014352	0,00098328
0,00388227	5,60E-05	7,30E-06	0,00025101	3,59E-06	1,13E-05	0,00053634
9,57E-05	4,71E-05	0,00013329	9,05E-05	5,99E-06	8,44E-05	0,00358933
0,00018335	2,24E-06	7,49E-05	1,23E-05	4,07E-06	8,44E-06	0,0010933
0,00015146	0,00026897	2,74E-05	8,37E-05	7,66E-06	6,75E-05	0,00088702
0,00015146	4,93E-05	1,28E-05	1,10E-05	5,75E-06	0,00026171	0,00011689
0,00017538	1,12E-05	0	9,60E-06	0	0	2,75E-05
0,00035076	1,57E-05	0,00012964	0,00128387	3,83E-06	2,53E-05	0,00070136
0,00027901	1,34E-05	5,11E-05	3,43E-05	7,66E-06	9,29E-05	0,00113456
0,00116388	0,00016363	2,01E-05	6,72E-05	5,51E-06	0,00014914	0,00061197
5,58E-05	1,79E-05	5,11E-05	9,60E-05	1,68E-06	2,25E-05	0,00019253
0,00016741	2,69E-05	2,01E-05	6,86E-06	4,55E-06	7,32E-05	0,00135459
0,00170597	0,00010311	2,19E-05	0,00049654	4,07E-06	0,00025889	0,00056384
0,00185743	2,24E-06	9,68E-05	6,17E-05	1,68E-06	8,44E-06	0,00114144
0	0	6,21E-05	0,00088198	0,00013771	1,13E-05	6,88E-05
0,00029496	8,97E-06	8,76E-05	5,49E-05	0,00014753	8,44E-06	0,00019253
0,00137912	0,00034518	1,28E-05	4,66E-05	1,34E-05	8,44E-05	0,00150587
0,00081313	6,72E-06	7,49E-05	4,94E-05	9,10E-06	2,25E-05	0,00255104
0,00014349	0,00016811	2,37E-05	3,43E-05	1,32E-05	0,00025045	0,00105205
0,00390619	1,34E-05	1,83E-06	0,00074344	4,79E-07	7,04E-05	1,38E-05
0,00062977	9,86E-05	8,22E-05	0,00015088	1,17E-05	0,00035175	8,94E-05
3,19E-05	0,00010983	0,00032137	0	0	5,07E-05	0,0002888
8,77E-05	4,48E-06	1,28E-05	0,00357179	2,40E-07	0	0
4,78E-05	5,16E-05	6,57E-05	0	6,95E-06	6,47E-05	0,00075637
0,00127549	0,0001569	2,19E-05	4,25E-05	4,79E-06	2,53E-05	0,00036443
0,00019132	0,00012328	2,37E-05	1,78E-05	5,51E-06	5,91E-05	0,00082513
0,00295754	3,36E-05	2,56E-05	5,35E-05	2,16E-06	4,50E-05	0,00040569
5,58E-05	4,03E-05	3,65E-05	2,88E-05	2,87E-06	0,00024482	0,00143711
0,00020727	7,85E-05	2,92E-05	0,0013936	5,51E-06	3,66E-05	0,00117582
0,00058194	3,81E-05	9,13E-06	0,00063096	8,38E-06	3,10E-05	0,00071512
0,00010363	3,59E-05	7,30E-06	2,33E-05	0	2,25E-05	0,00030255
0,00021524	7,85E-05	5,48E-06	0,00010562	1,20E-06	0,00010693	0,00010314
2,39E-05	0,00010759	7,30E-06	1,92E-05	1,68E-06	2,53E-05	0,00285359
0,00039062	4,48E-06	1,46E-05	7,82E-05	2,16E-06	2,25E-05	0,00058447

5,58E-05	4,93E-05	2,01E-05	5,49E-06	2,40E-06	3,10E-05	0,00238601
0,00032684	4,48E-06	6,21E-05	0,00020712	3,59E-06	1,41E-05	0,00016503
0,00017538	0,0002107	1,10E-05	0,00010699	4,55E-06	6,75E-05	0,00082513
0,00352354	0	3,65E-06	0,00040327	0	2,53E-05	0,00010314
0,00012755	2,24E-06	5,48E-06	0,00239491	9,58E-07	8,44E-06	0,00052259
0,00023915	0,00029363	0	0,0008326	1,84E-05	9,00E-05	8,25E-05
0,00018335	2,47E-05	4,20E-05	7,68E-05	1,20E-06	0	0,00123082
0,00017538	6,05E-05	2,37E-05	3,84E-05	3,59E-06	2,53E-05	0,00033005
0,00068558	6,05E-05	2,56E-05	0	5,99E-06	8,44E-05	0,00027505
0,00022321	0,00016138	3,65E-06	7,00E-05	5,27E-06	3,66E-05	0,00033693
0,00017538	5,83E-05	9,68E-05	3,29E-05	3,11E-06	0,00016321	0,00071512
3,19E-05	4,48E-06	1,83E-06	0,00015088	7,19E-07	0	0,00116206
9,57E-05	2,91E-05	9,13E-06	6,86E-06	3,83E-06	1,69E-05	0,00011002
0,00017538	9,19E-05	7,12E-05	0,00035114	4,31E-06	7,60E-05	0,00030943
0,00022321	2,02E-05	5,11E-05	1,51E-05	2,40E-07	0,00014633	1,38E-05
8,77E-05	4,48E-06	3,10E-05	0,00209863	2,63E-06	0	2,06E-05
1,59E-05	1,79E-05	2,56E-05	7,54E-05	9,58E-07	1,69E-05	0,00025442
3,19E-05	2,69E-05	1,46E-05	5,35E-05	7,19E-07	2,81E-05	0,00129959
0,00011958	6,50E-05	7,12E-05	5,90E-05	7,42E-06	0,00010693	0,00042632
0,00133926	8,97E-06	2,01E-05	4,39E-05	3,11E-06	3,38E-05	0,00044695
0,00026307	8,97E-06	7,30E-06	5,76E-05	7,19E-06	1,13E-05	0,00202158
0,0001993	2,91E-05	8,76E-05	4,66E-05	1,44E-06	4,22E-05	0,00064636
0,00010363	2,24E-05	2,37E-05	0	1,44E-06	6,19E-05	0,00010314
0,00150667	1,57E-05	0	0	0	0	0,00145086
0	4,48E-06	0	0	0	0	0
0,00057397	1,34E-05	1,64E-05	2,06E-05	0	0	8,94E-05
9,57E-05	8,97E-05	0	4,80E-05	3,11E-06	1,69E-05	0,00039194
0,00236763	8,97E-06	1,83E-06	8,23E-06	4,79E-07	2,25E-05	7,56E-05
0,00013552	0,00012328	2,01E-05	4,39E-05	4,79E-06	5,07E-05	0,00024754
0,00026307	6,72E-06	0,00019538	0,00056101	7,19E-07	3,38E-05	0,00083201
0	6,72E-06	0	0	0	1,69E-05	6,88E-05
4,78E-05	0	0,00201402	0,00067348	0	1,13E-05	0
7,97E-06	4,26E-05	4,02E-05	8,23E-06	2,63E-06	0	0,00034381
0,00015944	2,91E-05	6,94E-05	0,00010425	2,40E-07	9,57E-05	0,00022691
3,99E-05	0	0	5,49E-06	1,44E-06	3,38E-05	0,0001444
1,59E-05	1,34E-05	1,10E-05	5,49E-06	1,44E-06	3,38E-05	0,00054321
3,19E-05	0,00010311	1,28E-05	1,23E-05	5,27E-06	1,97E-05	0,00022004
0,00014349	1,12E-05	3,65E-06	4,11E-06	1,20E-05	4,50E-05	0,00065323
3,99E-05	0	1,83E-06	0,00099857	0	1,41E-05	2,06E-05
2,39E-05	2,24E-06	3,10E-05	4,66E-05	3,35E-06	1,97E-05	3,44E-05
0,00096459	4,03E-05	1,83E-06	4,25E-05	8,62E-06	3,10E-05	0,00017878
1,59E-05	5,38E-05	4,20E-05	1,78E-05	3,83E-06	8,44E-05	0,00021316
0,00018335	7,85E-05	2,19E-05	6,72E-05	8,62E-06	5,07E-05	0,00019941
0,00050222	2,24E-06	0,00013147	3,15E-05	1,44E-06	1,69E-05	0
3,99E-05	0	1,10E-05	4,39E-05	0	0	0,00017878
2,39E-05	3,81E-05	6,03E-05	1,23E-05	2,30E-05	0,00012663	0,00084576
2,39E-05	1,34E-05	1,28E-05	0,00098622	2,87E-06	6,75E-05	6,19E-05
0	2,24E-05	5,48E-06	4,66E-05	1,44E-06	8,44E-06	0,00160213
2,39E-05	2,24E-06	3,65E-06	0	4,79E-07	8,16E-05	0
4,78E-05	4,93E-05	5,48E-06	1,37E-05	1,37E-05	8,44E-06	0,00042632



8,77E-05	8,52E-05	0,00015886	4,11E-05	4,41E-05	5,63E-05	0,0001444
1,59E-05	6,72E-06	5,48E-06	1,65E-05	1,68E-06	2,81E-06	0,00066011
7,97E-06	2,24E-05	1,64E-05	0	0	7,32E-05	0,00011689
3,99E-05	6,72E-06	2,74E-05	1,37E-05	2,63E-06	1,41E-05	0
4,78E-05	2,02E-05	1,83E-06	0,00010013	1,44E-06	8,44E-06	0,0004332
0	0,00020845	0	0	2,87E-05	0,00027578	0
0,00011161	8,97E-06	5,48E-06	1,51E-05	3,11E-06	1,13E-05	0,00022691
0,00070949	0,00037656	0	0	1,27E-05	0,00025045	0
7,17E-05	0,00011207	9,13E-06	3,98E-05	5,03E-06	2,81E-05	0,00055009
3,99E-05	0	9,31E-05	9,60E-05	0	0,00014914	0,00013752
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0,00131679	7,19E-07	0	0
3,99E-05	1,79E-05	3,10E-05	0	9,58E-07	1,69E-05	8,94E-05
7,97E-06	3,14E-05	7,30E-06	0,00033057	0	7,04E-05	7,56E-05
4,78E-05	6,72E-06	1,83E-06	4,11E-06	7,19E-07	0	0,00054321
5,58E-05	6,72E-06	3,65E-06	9,88E-05	2,90E-05	0	0
0,00041453	0	0,00015338	2,33E-05	3,11E-06	0	5,50E-05
0,00097256	4,48E-06	1,83E-06	9,60E-06	9,58E-07	8,44E-06	2,06E-05
7,97E-06	2,02E-05	7,30E-06	0	3,59E-06	0,00010693	0
8,77E-05	0	0	0	0	3,66E-05	0,0001444
0	8,97E-06	0	0	9,58E-07	3,38E-05	3,44E-05
7,97E-05	4,03E-05	1,28E-05	1,10E-05	2,63E-06	2,81E-05	0,00010314
0,00075732	2,24E-06	1,28E-05	1,37E-05	0	0	4,13E-05
0	0	0	8,23E-06	0	0	0,00068761
7,97E-06	4,03E-05	0	1,10E-05	1,44E-06	2,81E-06	6,19E-05
0,00044642	0,00025777	0	0	9,58E-07	3,38E-05	0,00012377
0	6,72E-06	5,11E-05	0	0	8,44E-06	0
3,19E-05	2,24E-06	7,30E-06	6,86E-06	1,92E-06	8,44E-06	0,00010314
5,58E-05	3,81E-05	3,65E-06	0	3,59E-06	2,25E-05	0,0001444
1,59E-05	0	1,83E-06	0	0	0	0
1,59E-05	3,59E-05	0	0,00015363	1,20E-06	1,13E-05	8,94E-05
7,97E-06	2,47E-05	7,30E-06	2,74E-06	4,79E-07	5,63E-05	7,56E-05
1,59E-05	2,24E-06	0	2,47E-05	0	5,63E-06	0
2,39E-05	0	1,83E-06	0	7,19E-07	1,41E-05	0,0001719
7,97E-06	6,72E-06	7,30E-06	0	2,40E-07	1,69E-05	0,00024066
3,99E-05	1,34E-05	9,13E-06	0	0	3,94E-05	0
7,97E-06	2,24E-06	1,83E-06	0	0	5,63E-06	0,00011689
0	0	3,65E-06	9,60E-06	9,58E-07	0	0,00030943
0	0	0	0,00060627	0	0	0
7,97E-05	1,12E-05	1,83E-06	0,00017146	2,40E-07	2,81E-06	2,75E-05
0	2,24E-06	0	6,86E-06	2,40E-07	8,44E-06	8,25E-05
0	2,91E-05	0	6,86E-06	1,20E-06	0	0,00023379
0	0	1,83E-06	0,00041561	0	0	4,13E-05
0,00042251	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0,00021672	0	0	0
0	0,00013	9,13E-06	0	9,58E-07	5,35E-05	0
4,78E-05	8,97E-06	7,30E-06	8,78E-05	9,58E-07	0	0
0	1,12E-05	0	5,21E-05	1,92E-06	0	6,88E-05
0	1,57E-05	3,83E-05	0	4,07E-06	0	0
0	0	0	4,94E-05	0	0	0,00029567

0	2,24E-06	0	0	4,79E-07	0	4,13E-05
7,97E-06	2,24E-06	3,65E-06	1,10E-05	1,44E-06	1,41E-05	9,63E-05
0	0	0	1,23E-05	0	0	2,06E-05
0,00010363	0	0	0	4,79E-07	5,63E-06	0
0,00021524	0	0	0	0	2,81E-06	6,88E-05
5,58E-05	0	0	0	0	0	0
0	0	4,93E-05	1,37E-05	8,98E-05	8,44E-06	0
2,39E-05	4,48E-06	0	0	0	2,81E-06	4,13E-05
7,17E-05	4,48E-06	0	4,80E-05	0	8,44E-06	0
7,97E-06	0	3,65E-06	4,66E-05	0	0	0,00010314
7,97E-06	0	4,56E-05	2,33E-05	2,40E-07	2,81E-06	0
0	4,48E-06	3,65E-06	0	0	0	1,38E-05
2,39E-05	1,12E-05	9,13E-06	6,86E-06	0	0	0
0	0	1,28E-05	0	0	0	0
0,00010363	8,97E-06	7,30E-06	5,08E-05	0	0	0
0	2,24E-06	0	0	1,68E-06	8,44E-06	0
3,19E-05	0	0	0	0	0	0
2,39E-05	4,48E-06	0	1,10E-05	0	0	7,56E-05
0	0,00014569	0	0	0	8,44E-06	0
0	0	1,83E-06	0	2,40E-07	5,63E-06	0
0	0	3,65E-06	3,02E-05	0	1,69E-05	0
0	0	0	0	0	0	0
7,97E-05	0	0	0	0	0	0
2,39E-05	4,48E-06	1,28E-05	9,60E-06	0	0	0
7,97E-06	0	0	0	0	5,63E-06	0
0	4,48E-06	0	0	0	0	0
1,59E-05	0	0	1,23E-05	0	0	0
0	0	2,01E-05	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	1,51E-05	0	0	0
0	0	1,83E-06	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	2,74E-06	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	3,65E-06	0	0	0	0
0	0	3,65E-06	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0

ICGC_0497	ICGC_0501	ICGC_0500	ICGC_0443	ICGC_0489	hgnc_symbol	mean
0,47574414	1	1	0,70053736	0,27672192	EEF1A1	0,72894919
1	0,44552923	0,23885613	1	1	GNAS	0,5068704
0,22976444	0,37379138	0,72744351	0,13148223	0,22772858	CLU	0,34741209
0,12528282	0,63046703	0,22481375	0,1916771	0,15127914	UBC	0,30123333
0,00015593	0,07327028	0,32108934	4,72E-05	0,00193385	INS	0,18522964
0,0762004	0,13041809	0,16646038	0,15982991	0,14095898	UBB	0,17751962
0,05141203	0,09511582	0,13940989	0,09535287	0,11365425	RPS2	0,15707567
0,06976668	0,15296771	0,15165162	0,13904304	0,06394944	RACK1	0,15542181
0,05546	0,11220594	0,13521176	0,0819231	0,07009537	RPS27A	0,14030294
0,00703717	0,0240444	0,10196241	0,02117499	0,26413109	NEDD4	0,13001429
0,01274581	0,36640787	0,02558216	0,01561267	0,02586664	SPARC	0,11133287
0,00020271	0,00358068	0,24832397	0,00013938	0,0001211	REG1A	0,10912441
0,10861691	0,38922859	0,06200893	0,04405685	0,11927036	HSP90B1	0,10635613
0,05639247	0,1385471	0,09387473	0,07818772	0,03628898	RPS3	0,10610076
0,0808487	0,17200443	0,08495285	0,08203246	0,03760218	HSP90AB1	0,10058145
0,06236775	0,04762945	0,10817144	0,06058943	0,16707539	SPINT2	0,09945185
0,11041011	0,14915735	0,07145643	0,04644989	0,11721541	CD63	0,09483187
0,08287581	0,12150215	0,06233787	0,04498533	0,06475553	HNRNPA1	0,09306075
0,07808248	0,17663559	0,02700302	0,09740068	0,04642371	HSP90AA1	0,09254154
0,00888807	0,14797132	0,02269298	0,00770663	0,02057599	VIM	0,08580591
0,08390495	0,26225564	0,08851007	0,04684016	0,09285498	IGFBP2	0,07938197
0,05471621	0,05716663	0,05192053	0,08608519	0,04541326	UBA52	0,07374781
0,01184452	0,11169388	0,05330069	0,00986808	0,05762564	ITGB1	0,07094201
0,02524056	0,14622805	0,0518188	0,08476644	0,03131623	APP	0,06813716
0,00553867	0,2654598	0,00907109	0,00281333	0,0208182	COL3A1	0,06649304
0,05382897	0,14995557	0,08209079	0,05996329	0,06413109	P4HB	0,06288495
0,22900505	0,55282915	0,00085455	0,00027018	0,01632607	FGA	0,05699172
0,06138539	0,11025558	0,0279932	0,02463804	0,05028383	BEX1	0,05631496
0,07307866	0,08159508	0,11887363	0,0121968	0,28016197	AGT	0,05606224
0,04129523	0,03417648	0,04858372	0,04812245	0,02292613	XBP1	0,05538448
0,0224494	0,08940028	0,01254692	0,02228574	0,00423479	IGFBP3	0,05336511
0,01485088	0,0442069	0,0378578	0,02474097	0,08879428	HNRNPH1	0,050432
0,00509427	0,17886834	0,0088778	0,00211428	0,01388889	COL1A2	0,04780051
0,00820665	0,04988102	0,00482548	0,00322503	0,01612928	STMN1	0,0476818
0,02966433	0,04791184	0,07220924	0,02967287	0,05389419	LRPAP1	0,04570668
0,01043491	0,18162445	0,00609713	0,00286908	0,01569785	FN1	0,04384084
0,02429874	0,09631691	0,03251688	0,01061859	0,00900318	S100A6	0,0430852
0,02995748	0,05334122	0,04028919	0,02436357	0,04873221	CD46	0,04204485
0,01108358	0,05547607	0,01980718	0,01431322	0,02223736	TSC22D1	0,04049156
0,02693865	0,05685412	0,01945451	0,0311074	0,07084847	GPI	0,04010859
0,01180398	0,01937558	0,05739709	0,05210656	0,03964199	SCG3	0,03909832
0,05914154	0,01484232	0,04503667	0,01091236	0,02677869	VGf	0,03862827
0,01163558	0,04424079	0,02149932	0,01314887	0,0127687	YBX1	0,03791242
0,00022142	0,03670668	0,00014582	0,00017369	0,03056312	PENK	0,03630338
0,02318227	0,05298352	0,02870872	0,01521812	0,02722147	BEX3	0,03619983
0,00892705	0,01786575	0,01773525	0,00832204	0,02548819	IFI6	0,03594761
0,02804109	0,04281379	0,01531064	0,01719088	0,01729867	DYNLL1	0,03548763
0,00230934	0,0886962	0,00471018	0,00176047	0,06113003	COL1A1	0,03538419
0,00271476	0,02989924	0,03608767	0,00174117	0,05722071	ERRF1	0,03484377

0,01532023	0,04416549	0,02789486	0,01250558	0,01439979	RHOA	0,0341675
0,00569616	0,02206768	0,03103838	0,00890529	0,04162125	SFPQ	0,03293309
0,03900148	0,06344694	0,02333728	0,01071508	0,02889419	ATP6AP2	0,03288278
0,01267408	0,03737311	0,02263533	0,01261279	0,03266727	HNRNPU	0,03144515
0,01149212	0,03799437	0,02379846	0,01377286	0,02298668	NCL	0,03009831
0,00490871	0,00974427	0,01106164	0,01308883	0,00882153	PEG10	0,02969869
0,02416464	0,04367601	0,01794549	0,01877552	0,04203754	HSPA5	0,02964242
0,00095586	0,05239616	0,01527673	0,00137664	0,00290645	CCN2	0,02899174
0,00296425	0,04678981	0,00524258	0,01355843	0,01965637	FOS	0,02869944
0,00936366	0,06136857	0,01421193	0,0054208	0,00715637	A2M	0,02858661
0,01072494	0,03945526	0,01911202	0,01017043	0,01707917	CDC42	0,02854019
0,00235924	0,06928296	0,00429647	0,00038598	0,01906222	POSTN	0,02847875
0,00446743	0,09033781	0,02394428	0,00763372	0,01499773	VEGFA	0,02810094
0,0136237	0,02220699	0,01970545	0,00824913	0,03851423	ZFAND5	0,02804638
0,00910482	0,02189072	0,0128589	0,00752007	0,00961626	HSPA1B	0,02781866
0,00397936	0,06080002	0,01270291	0,00503911	0,00884802	COL4A1	0,02729027
0,00051457	0,00692415	0,00528327	0,00049748	0,01020285	HSPA1A	0,02669689
0,01895342	0,01955631	0,02987185	0,03541531	0,07967378	WNT4	0,02660683
0,02299827	0,04468508	0,01756908	0,01137124	0,02117772	ARPC3	0,02639186
0,01181022	0,03444381	0,0112278	0,00307064	0,01432788	DUSP1	0,02631502
0,02028663	0,0538834	0,03193023	0,01708795	0,02620345	MAGED1	0,02624887
0,00145484	0,06368791	0,0038319	0,00196633	0,02217303	THBS1	0,02623675
0,01339604	0,04870629	0,01649412	0,01499297	0,01298441	KRT8	0,02619021
0,00752835	0,04781394	0,01961389	0,00915189	0,0091924	CTNNB1	0,02597327
0,01236533	0,03221859	0,01903402	0,01498439	0,01795716	HSPB1	0,02591428
0,01841078	0,03918416	0,01572096	0,01937163	0,01497502	SQSTM1	0,02550341
0,00894888	0,04478674	0,0154768	0,00969439	0,00990388	ANXA2	0,02413563
0,01449535	0,02528314	0,01770473	0,01363562	0,01274977	RAC1	0,02394421
0,0012303	0,01070062	0,02316773	0,01394655	0,01908871	FGFR1	0,02371959
0,0111288	0,03239555	0,02235726	0,01560838	0,01748411	NPTN	0,02342374
0,01642578	0,03652972	0,01551749	0,02126076	0,02123827	KTN1	0,02340224
0,01186947	0,05171466	0,01923749	0,01308883	0,02795186	PDIA6	0,02331961
0,03226838	0,0003464	0	4,93E-05	6,81E-05	CALCA	0,02319346
0,00782618	0,04621751	0,00737217	0,00486971	0,01682561	RHOB	0,0230463
0,01124731	0,02241408	0,01482572	0,02038803	0,04054269	PRKCSH	0,02259601
0,00636043	0,02789241	0,00495773	0,01977905	0,02292991	JUNB	0,02224553
0,01607961	0,07305943	0,01522586	0,00964722	0,00663791	CITED2	0,02215073
0,00470444	0,0127903	0,02297444	0,0123469	0,02737663	PTK2	0,02142801
0,01224371	0,03684976	0,01111929	0,00679744	0,01988344	IL6ST	0,02137935
0,00811465	0,03419154	0,01361511	0,02186331	0,01179231	APLP2	0,02136582
0,01283001	0,01513223	0,02707762	0,01027336	0,02140478	NENF	0,02110247
0,00325116	0,04995632	0,0130488	0,00355525	0,00707312	COL4A2	0,02105241
0,01104304	0,03576162	0,00706697	0,02559655	0,01261732	MAP1B	0,02071661
0,01447196	0,04971535	0,01814896	0,01924512	0,01526264	ANXA6	0,02060755
0,01342411	0,03530603	0,01036308	0,01054139	0,01638283	STAT3	0,01967978
0,00761879	0,0256333	0,01589729	0,0111418	0,00864744	AP2M1	0,01958935
0,0109105	0,02702642	0,01222816	0,01697216	0,01036179	YWHAH	0,01923831
0,0083314	0,02140125	0,0164263	0,00651654	0,02217681	VCP	0,01921933
0,00600802	0,02001566	0,01746735	0,00905539	0,0167083	NCKAP1	0,01900468
0,0088179	0,02195473	0,03988565	0,01054139	0,01441114	DDR1	0,01880571

0,00373767	0,05790837	0,00560881	0,00332367	0,00322434	LGALS1	0,0186997
0,00073132	0,05156405	0,00524597	0,00104642	0,00253557	GSTP1	0,01860883
0,00795404	0,02398039	0,01005789	0,01003748	0,01696564	HIF1A	0,01858298
0,0157849	0,00551975	0,01357781	0,03206805	0,01516803	CD44	0,01826611
0,00887404	0,03155592	0,01648055	0,01819441	0,01934605	GLG1	0,01808944
0,00555738	0,02041477	0,01812183	0,00791677	0,01226158	EWSR1	0,01724906
0,01515962	0,02436444	0,0123672	0,00560092	0,00870421	ARF4	0,01692731
0,00179789	0,06946369	0,02623664	0,01290227	0,04442931	NPNT	0,0165648
0,00843119	0,01901413	0,0137338	0,00672668	0,01001741	PPP1CC	0,01650137
0,00521434	0,01929652	0,01153639	0,0020135	0,00876854	LAMB1	0,01617277
0,00967708	0,03575032	0,00270946	9,22E-05	0,00256585	MDK	0,01603777
0,00613589	0,01977093	0,00825723	0,00557733	0,01180745	FKBP1A	0,01596797
0,0071588	0,0119356	0,01064115	0,00934487	0,01531562	TRIM28	0,01577082
0,01500525	0,04032878	0,00731452	0,00649295	0,00797381	BEX4	0,01575625
0,00363787	0,01459005	0,01250284	0,01155136	0,01287844	IQGAP1	0,01555056
0,00708551	0,01653664	0,00940002	0,00821697	0,01372237	HNRNPM	0,015477
0,00314513	0,01369017	0,01480876	0,01005678	0,01813124	NCOR1	0,01539036
0,00747222	0,01315928	0,01196027	0,01779986	0,00558205	ELOB	0,01525333
0,00972698	0,02212793	0,00570037	0,00728205	0,01173176	SMAD2	0,015196
0,00115077	0,02578014	0,00104445	0,00134019	0,00266046	SERPINE1	0,01518187
0,01149056	0,02485768	0,00880998	0,01287225	0,00802301	PDCD6	0,01511831
0,00212222	0,00896111	0,01968172	0,00388977	0,03239479	TIA1	0,01509944
0,0063885	0,01761348	0,01383214	0,00727133	0,00672116	BRK1	0,01499286
0,01329157	0,01595681	0,00735182	0,00565453	0,01035801	YWHAG	0,01498001
0,01141571	0,03931594	0,00542231	0,00180979	0,00594914	IGFBP4	0,01485047
0,0124932	0,0484992	0,00985442	0,00584537	0,01740085	HTRA1	0,01464776
0,00158114	0,00317028	0,01309628	0,02559869	0,02129504	MEIS2	0,01458499
0,00508647	0,01943959	0,00719922	0,00796609	0,01040342	SDCBP	0,01452741
0,00339306	0,01041447	0,01316749	0,00740428	0,01183772	PTBP1	0,01448578
0,00489624	0,01923251	0,01101077	0,00847214	0,01527778	AKT3	0,01447637
0,01226086	0,01875433	0,00590723	0,00997744	0,00837875	TXNL4A	0,01442624
0,00501474	0,01244013	0,00225845	0,0044237	0,01212156	NR4A1	0,01439672
0,00524552	0,01861878	0,0066024	0,00554517	0,00678171	CHMP5	0,01428026
0,01132995	0,02252703	0,01059028	0,00959147	0,01047533	AP2B1	0,01415998
0,00463895	0,0180653	0,01432384	0,00897176	0,01528913	PTEN	0,014114
5,61E-05	0,00456716	0,00029502	1,07E-05	0,00034438	TF	0,01400481
0,02739553	0,28091208	5,43E-05	0	0,00989252	FGG	0,01399
0,00789635	0,04518208	0,01034952	0,00474105	0,03243642	ADGRG1	0,01386813
0,00433956	0,01010949	0,00922029	0,00610912	0,01616334	NRDC	0,01382832
0,00523149	0,01230082	0,01489693	0,00904896	0,01917953	CHMP3	0,01376564
0,00344452	0,00875779	0,01075984	0,00307922	0,01499773	LRRFIP1	0,01369977
0,00066894	0,03370207	0,01476129	0,00042672	0,00158946	IGFBP5	0,01363507
0,00254012	0,02463553	0,00215332	0,0020521	0,00646004	APOE	0,01345848
0,00676897	0,01818579	0,00994259	0,00643077	0,00881017	ARHGEF12	0,01334257
0,00667541	0,02174011	0,01121085	0,00397768	0,00444293	ITGA1	0,01333171
0,00428187	0,00762448	0,0107734	0,00672882	0,01794581	DNM2	0,01327827
0,00290344	0,01189418	0,01008162	0,006137	0,01240161	ZMYM2	0,01325504
0,00570552	0,01340025	0,009634	0,00909828	0,0088291	INSR	0,01320755
0,00361604	0,00943929	0,01439505	0,005929	0,00854526	HDGF	0,01299258
0,00613433	0,00678108	0,01177376	0,00442155	0,01902059	ATXN2	0,01272849

0,00878672	0,02061809	0,00768753	0,00632355	0,00923403	STRAP	0,01271232
0,00239198	0,01173605	0,0132014	0,01331398	0,00632758	SDC2	0,01263551
0,00510518	0,01482349	0,00907787	0,00717055	0,00566909	CSNK2B	0,01261327
0,00140494	0,00887828	0,01044447	0,00316714	0,01551998	CFLAR	0,01259875
0,00659433	0,01679267	0,00607339	0,00628066	0,01187935	SMAD4	0,01245094
0,00627623	0,01794858	0,00912534	0,0042157	0,00942325	USP9X	0,01241841
0,04079469	0,0146164	0,00484583	0,0188763	0,00824629	DNER	0,01216735
0,00606416	0,02001943	0,01055976	0,00870373	0,01041477	LGMN	0,01185873
0,00654131	0,00634432	0,00993581	0,00930628	0,00756131	PIN1	0,01181814
0,00416492	0,01365252	0,00723991	0,00423929	0,00815925	HNRNPF	0,01173927
0,00557765	0,01902166	0,00791474	0,00767446	0,00844687	CPNE3	0,01166954
0,00842496	0,01834016	0,00824367	0,00571671	0,0098736	PTPN11	0,01166038
0,00363943	0,01146119	0,01083444	0,0035574	0,00986982	U2SURP	0,01157657
0,00364879	0,00755294	0,01179072	0,00354882	0,02128368	EPS15	0,01153812
0,00588016	0,01583632	0,00346227	0,00418782	0,00401151	PSIP1	0,0115306
0,00641812	0,00912678	0,01011553	0,00701616	0,00459052	PDAP1	0,01145734
0,00504437	0,01753065	0,00783335	0,00929127	0,00472676	VEGFB	0,01141175
0,00434268	0,00813654	0,01037665	0,00563308	0,02166591	TP53BP1	0,01128456
0,00159985	0,0152113	0,01379823	0,00344375	0,01161444	NRP1	0,01127566
0,00772794	0,0169734	0,0107734	0,0115192	0,00964653	BECN1	0,01117955
0,00082644	0,01559535	0,0045915	0,00037954	0,00392068	C3	0,01110458
0,0043957	0,0157196	0,01097686	0,00943065	0,00830684	ITGAV	0,01106639
0,00107592	0,02001943	0,00363522	0,00132518	0,00295565	ANXA1	0,01101015
0,00498668	0,020347	0,0082301	0,0055516	0,01506585	MDM2	0,01086798
0,00562755	0,01181888	0,00476105	0,0071877	0,00513927	POLR2K	0,01084688
0,00311706	0,01428883	0,00844374	0,0047432	0,00869664	CTTN	0,01080592
0,00919214	0,00935269	0,00474749	0,00629782	0,00969195	PDCD5	0,01080442
0,00290032	0,00414922	0,01502579	0,0054015	0,00897669	PLXNB1	0,01079402
0,00314981	0,01047848	0,00820298	0,0036496	0,01178474	TPR	0,01079143
0,00062372	0,02348339	0,01056654	0,00121796	0,00759915	JUN	0,01077758
0,00730069	0,01799377	0,0054257	0,00637716	0,00864744	POLR2B	0,01076565
0,00494146	0,01395373	0,00871842	0,01314029	0,01664396	MIA3	0,01075684
0,00250737	0,01091524	0,00507642	0,00287122	0,01550484	ROCK1	0,01072764
0,00468573	0,01730474	0,00984764	0,00665163	0,0096314	AKT1	0,01071317
0,00666138	0,01599822	0,00673804	0,00834348	0,00842794	SNX2	0,01067175
0,00346635	0,01178499	0,00918638	0,00414494	0,01127384	KIDINS220	0,01054247
0,00116169	0,00661165	0,02176044	0,00408919	0,01503557	NEURL1	0,01044023
0,0079135	0,01019609	0,00808768	0,00808188	0,00908265	URI1	0,01043143
0,00126616	0,01599446	0,00506964	0,00232442	0,00144187	GRB10	0,01042998
0,0033915	0,01140471	0,01029865	0,00488043	0,00720936	BAG6	0,0104005
0,00656782	0,00690156	0,00722635	0,01022833	0,00919997	GTF2F1	0,01036078
0,00099484	0,01907814	0,00406249	0,00236517	0,00790569	SPRY1	0,01034036
0,00623724	0,00967273	0,00695507	0,0071341	0,01172798	PPP5C	0,01026569
0,00210039	0,00544444	0,01821	0,01278434	0,00744778	FURIN	0,01021931
0,00215185	0,01914967	0,00479157	0,00155891	0,00128293	CLIC4	0,010173
0,00594097	0,01468418	0,00874555	0,00782456	0,00766727	PPM1A	0,01008158
0,01675479	0,0352345	0,00351992	0,00426073	0,01458144	TGFBR1	0,00999767
0,00218927	0,00521853	0,00871503	0,00436151	0,01727596	AKT2	0,00988676
0,00456566	0,01595304	0,01208235	0,00685748	0,0093135	LAMC1	0,00981412
0,00523149	0,01530543	0,00745016	0,00604479	0,00814033	SMAD5	0,00980564

0,00238263	0,00739857	0,01089548	0,00372465	0,01592492	GIGYF2	0,00979491
0,0034492	0,0090816	0,01072592	0,00445157	0,01134953	HDAC1	0,00978141
0,00127396	0,0040325	0,00937967	0,00461883	0,02154859	TSC2	0,00977193
0,00306716	0,00955225	0,00953566	0,00414065	0,00754996	SNX1	0,00971591
0,00035708	0,00434878	0,00356061	0,0061906	0,00311459	EGR1	0,0096749
0,00452668	0,01219163	0,01068184	0,00718342	0,01086134	TRIP11	0,00957079
0,00162792	0,00544821	0,01206539	0,00394766	0,00957463	CLASP2	0,00953077
9,36E-05	0,00111449	0,00790456	0,00012437	0,00520739	KL	0,00952927
0,01185544	0,00636314	0,0071687	0,00454807	0,01290494	CD320	0,00945687
0,00341489	0,009492	0,00843357	0,00414065	0,00595292	PARP1	0,00936972
0,00336811	0,00728185	0,00637859	0,01709438	0,00769376	ISL1	0,00935526
0,00923892	0,0191798	0,02046844	0,00243164	0,00571072	EZR	0,00933585
0,00191951	0,03004609	0,00494078	0,0015246	0,00212307	FLT1/VEGFR1	0,0093128
0,00197253	0,00351667	0,00562577	0,00304491	0,00755374	HIPK2	0,00925289
0,0016669	0,00693922	0,0143001	0,00916046	0,00873448	LTBP3	0,00924464
0,00447366	0,00343384	0,0116076	0,00359171	0,01612928	DAPK1	0,00917867
0,00269761	0,00821561	0,01105486	0,00396482	0,01640176	TIAL1	0,00913737
0,00285042	0,00955601	0,00683638	0,00303419	0,00544202	ACAP2	0,00904719
0,00278805	0,009925	0,01051568	0,00808402	0,00705419	TMEM219	0,00902256
0,0036098	0,00952589	0,00766719	0,00505412	0,00401907	MAPK1	0,00896288
0,00161857	0,00343007	0,01508344	0,00204567	0,00813276	HIP1R	0,00887977
0,00550905	0,00904395	0,00783674	0,00505627	0,00532092	RPS6KA3	0,00885368
0,00637602	0,00917949	0,00839288	0,00527927	0,00890857	IFT20	0,00884717
0,0051239	0,01237989	0,007284	0,00539936	0,00960491	ITCH	0,00884705
0,0031155	0,00939034	0,00813515	0,00470675	0,0100931	PUM1	0,00878588
0,00648829	0,01308021	0,00616495	0,00370536	0,00962383	DUSP3	0,00877427
0,00794001	0,01570077	0,00028146	0,00459739	0,01799501	NDRG4	0,00876312
0,00261185	0,01249285	0,01321835	0,00550228	0,01077808	SPINT1	0,00873355
0,00476058	0,01230082	0,00527988	0,0060984	0,00504844	SNW1	0,00871054
0,00273503	0,00812525	0,00820976	0,00378898	0,00842416	ATF2	0,00868646
0,00399028	0,01001913	0,00814872	0,00573816	0,00898047	HDAC5	0,00868622
0,00024949	0,0289956	0,00244156	0,00041385	0,00031411	ASPEN	0,00865768
0,00579128	0,01330236	0,0061819	0,00529	0,00495383	VPS25	0,00865282
0,00292839	0,01167204	0,00756885	0,00212715	0,00908644	ADAM10	0,0086453
0,00083423	0,00962002	0,00897275	0,0030106	0,01086512	POLR2A	0,0086354
0,00742388	0,01481972	0,00431004	0,00806258	0,00511656	CAMLG	0,00862734
0,00034461	0,02330643	0,00270607	0,00065187	0,00155919	MMP2	0,0086191
0,00277869	0,00808006	0,00769771	0,00645435	0,00522631	POLR2E	0,00861036
0,00282547	0,00806124	0,00885067	0,00330437	0,01077808	APPL2	0,00859899
0,00341333	0,01523389	0,00728061	0,0022215	0,00244475	TGFBR2	0,00859265
0,00326832	0,01266228	0,00519511	0,00593758	0,00559718	ILK	0,00853812
0,00399495	0,01145742	0,00438803	0,00461454	0,00586966	SNX6	0,00846466
0,00553399	0,01733109	0,00757224	0,00328507	0,01166364	CREG1	0,00841826
0,00366126	0,00906277	0,00570037	0,00327435	0,00996064	RBCK1	0,00840376
0,00079525	0,00512817	0,00835896	0,00308565	0,01294656	POGZ	0,00838205
0,00310459	0,01245896	0,00610052	0,0041771	0,00557448	ERBIN	0,00838193
0,00099952	0,02314452	0,00494078	0,00045459	0,00082122	EFEMP1	0,00836897
0,00483386	0,01074581	0,00711105	0,00747933	0,00764835	POLR2C	0,00833087
0,00283639	0,01084747	0,00689403	0,00512703	0,00496518	RBFOX2	0,00832972
0,01197863	0,01678514	0,00490347	0,00495763	0,0053739	BEX5	0,00832933

0,000368	0,00926986	0,0066024	0,00148171	0,0045224	HSPG2	0,00821704
0,0030391	0,00753411	0,00552743	0,00460811	0,0060551	STAT1	0,00821303
0,00627623	0,01204479	0,00048492	0,02980367	0,00090448	F5	0,0081753
0,0029471	0,00651752	0,00535788	0,00441726	0,00521496	FNTA	0,0081672
0,00157179	0,00896864	0,00354366	0,0020328	0,00297457	PIK3R1	0,00815188
0,00819106	0,00573436	0,00423544	0,01234475	0,00460945	POLR2I	0,008146
0,00460153	0,00930751	0,00604626	0,00402271	0,00677036	GRB2	0,00809547
0,0024793	0,00774873	0,00707714	0,00177548	0,01365047	USP15	0,00806368
0,0026711	0,01773773	0,0044762	0,00042243	0,0029178	NEDD9	0,00804571
0,00374079	0,00713877	0,00778588	0,00678029	0,00513548	SORT1	0,00801631
0,00163104	0,01498163	0,00190578	0,00038812	0,00587345	SULF1	0,00793434
0,00790882	0,01604341	0,00324525	0,00516992	0,00107857	DKK3	0,00792593
0,00336499	0,00893099	0,00994259	0,00345447	0,00828792	SHOC2	0,00789014
0,00400587	0,01083994	0,00722974	0,0038962	0,00876098	STAT5B	0,00787726
0,00178073	0,00678108	0,00738234	0,00234587	0,01070239	TJP1	0,00785434
0,00206609	0,00629161	0,0111532	0,00232657	0,00757645	EPB41L5	0,00785028
0,00306093	0,00693545	0,0075485	0,00909185	0,00698229	STUB1	0,00782244
0,00437231	0,01025257	0,00813855	0,00801326	0,00970708	LRP9/10	0,0078061
0,00460776	0,01148001	0,00649388	0,00437009	0,00358765	HDAC2	0,00777445
0,0370196	0,01510964	0,00057309	7,93E-05	0,00023085	AGR2	0,00775395
0,0047902	0,00826079	0,00569698	0,00301703	0,00461702	RAB14	0,00774937
0,00406512	0,01248155	0,00524936	0,00496406	0,00511278	ARF6	0,00771482
0,00227192	0,00981581	0,00722635	0,00327006	0,00979034	HDAC6	0,00770847
0,00119443	0,00940164	0,00560881	0,00127801	0,00127914	ITGA6	0,00757702
0,00117884	0,00495873	0,00544265	0,00262034	0,00916213	ARHGEF7	0,00757024
0,00152345	0,01669102	0,00889814	0,00486114	0,00693688	LRP1	0,00756544
0,00272723	0,0089197	0,00852513	0,00519136	0,004863	NDST1	0,0074804
0,00242473	0,01046342	0,00509337	0,0040656	0,00919619	RABEP1	0,00747608
0,00149538	0,00343384	0,00905074	0,00617345	0,01042613	LTBP4	0,00747118
0,00193822	0,00685262	0,00786726	0,00274471	0,00694823	PXN	0,00744467
0,00047247	0,01836275	0,00482548	0,00115364	0,0024069	PDGFRB	0,00744133
0,00094806	0,00359198	0,00476444	0,0179178	0,00550257	ELMO1	0,00743079
0,00467325	0,01784692	0,00327237	0,00270397	0,00134726	RGCC	0,00740082
0,00151409	0,00776002	0,00507303	0,00104856	0,00627081	SGK1	0,00734967
0,00117572	0,01237989	0,01099043	0,00034094	0,00450348	KANK1	0,00730745
0,00218771	0,00701828	0,00820637	0,00287551	0,00683091	ZNF451	0,00730703
0,00419455	0,01076087	0,0055783	0,0029184	0,00608159	RAPGEF2	0,00728938
0,00219551	0,0136224	0,00482548	0,00274685	0,00494626	CDKN1B	0,00723217
0,0029393	0,01026386	0,00532397	0,00221721	0,00539661	F11R	0,00721782
0,00363943	0,00796334	0,00264842	0,00485256	0,00404935	ELOC	0,00717261
0,00207077	0,00650246	0,00718227	0,0038576	0,00561611	PHIP	0,00716438
0,00380316	0,00712747	0,00389633	0,00348449	0,00468892	CUL1	0,00715252
0,00174487	0,01239495	0,00543248	0,00186126	0,00387905	SKIL	0,00714063
0,00138467	0,00802735	0,00497808	0,00211857	0,00502573	PTPN12	0,00711223
0,00169341	0,00548209	0,0056902	0,00249168	0,00955192	KIF1B	0,00704241
0,00236859	0,00561011	0,00607678	0,00315641	0,01045262	USP8	0,00704093
0,00219863	0,01326094	0,01047838	0,0111611	0,00682334	SORL1	0,00702128
0,00010759	0,00894982	0,00494078	0,00047175	0,00073418	FBLN1	0,00700704
0,0012724	0,01799377	0,00764345	0,00205639	0,00232743	NREP	0,00698272
0,00351469	0,00550468	0,00443212	0,00391979	0,00860203	FUT8	0,00697608



0,00161545	0,01705624	0,00329272	0,00061327	0,00229337	COL18A1	0,0069298
0,00025261	0,01446956	0,0135812	0,00074836	0,00132077	LAMB2	0,00690483
0,00240446	0,00602804	0,00736199	0,00595687	0,01058129	NRXN1	0,00689124
0,00376418	0,01293337	0,0047034	0,00385117	0,00643355	ADAM9	0,00687609
0,00480268	0,00915314	0,00410657	0,00459739	0,00596428	SNX5	0,00686685
0,00171056	0,01040318	0,00439142	0,00261391	0,00531714	FYN	0,00684709
0,0037595	0,01187159	0,00888119	0,00221292	0,00572964	CKAP4	0,0068419
0,00259002	0,00539173	0,00467966	0,00474963	0,00580911	COP55	0,00683484
0,00231714	0,00661165	0,00476444	0,00298916	0,00814033	TXLNA	0,00677957
0,00350689	0,00941293	0,00546978	0,0048933	0,00451105	NR3C1	0,00675039
0,00219863	0,01232341	0,00603948	0,00247453	0,00901453	PLEKHA1	0,0067277
0,0012646	0,01210127	0,0031469	0,00352309	0,00755752	GAS6	0,00668583
0,00507244	0,0076433	0,00442533	0,00829416	0,00460945	CRIM1	0,00667779
0,00094494	0,0117737	0,01108877	0,00134019	0,00449213	ITGB5	0,00666676
0,00369869	0,0069731	0,00578176	0,00583894	0,00297835	POLR2F	0,00666675
0,00363787	0,00663047	0,00497808	0,00217218	0,00891235	SETX	0,00666492
0,00140338	0,01034293	0,00712801	0,00371179	0,00664169	MYO1C	0,00665912
0,00176202	0,00583225	0,00597505	0,00319287	0,00793597	RICTOR	0,00659712
0,00151721	0,00433372	0,00256025	0,00221507	0,00332274	MCM7	0,00659689
0,00440973	0,0060657	0,00226862	0,00174975	0,00680442	EGFL7	0,00657834
0,00235612	0,00957107	0,00556812	0,0025024	0,00261883	APPL1	0,00655441
0,00300791	0,00424712	0,00689403	0,00431863	0,00690282	EPN1	0,00653474
0,00110867	0,00317028	0,00702967	0,00467673	0,00841281	BCAR1	0,00653293
0,00217056	0,00731197	0,00715853	0,00354882	0,00309567	CRKL	0,00650311
0,00210507	0,00788804	0,00576819	0,0028026	0,00386013	PLSCR1	0,00650239
0,00359577	0,00651752	0,00706019	0,00265894	0,00621783	GORASP2	0,00649553
0,00350533	0,01220669	0,00711445	0,00649724	0,00576748	AHR	0,00649447
0,00699819	0,00596404	0,0026925	0,00441941	0,00371632	POLR2J	0,00643065
0,00239354	0,00538043	0,00494078	0,00363888	0,00660006	PHF14	0,00642961
0,00219083	0,00507169	0,00546978	0,00212715	0,00811384	SRRT	0,00642641
0,00295957	0,01216528	0,01315732	0,00038812	0,00501817	CD36	0,00642137
0,00305937	0,0142813	0,00605304	0,00360457	0,00407584	NDRG2	0,00640899
0,00142521	0,00599039	0,00604287	0,00206711	0,00358008	RAF1	0,00640474
0,00330106	0,00463493	0,00482887	0,003596	0,00851499	SIRT2	0,00640082
0,00194446	0,00495873	0,00759258	0,00244022	0,00966546	PDE8A	0,00638426
0,00095118	0,03763668	0,0023127	0,00155891	0,00113912	JAM3	0,00638304
0,00237639	0,007071	0,00528327	0,00391979	0,00723585	HGS	0,00637104
0,00034461	0,00024097	0	5,15E-05	0,00071147	GHRHR	0,00635514
0,00177606	0,00378777	0,00113601	0,00297415	0,00244096	CCL2	0,00632366
0,00383279	0,01021868	0,00411336	0,00339229	0,00410612	PSEN1	0,00631885
0,00556986	0,00890464	0,00470001	0,00311996	0,00571072	RNF41	0,00629044
0,00246215	0,01041447	0,00620903	0,00271683	0,00399637	SYNCRIP	0,00626551
0,00083891	0,0034602	0,00692455	0,00303633	0,0089502	CREBBP	0,00626307
0,00160453	0,01007937	0,00440838	0,00379113	0,00404935	RORA	0,00622409
0,00319347	0,00774496	0,0038319	0,00343089	0,00356494	TSG101	0,00621679
0,00335408	0,01170969	0,00518154	0,00413207	0,00550636	HDAC3	0,00620698
0,0019429	0,00906654	0,00489669	0,00156105	0,00589994	ROCK2	0,00619277
0,00033369	0,00658152	0,00423544	0,00633427	0,00491599	FIBP	0,00619009
0,00174955	0,00586991	0,00867433	0,00248096	0,00291023	CCDC50	0,00617855
0,00076718	0,0025302	0,01004093	0,00195346	0,01003633	PRKCE	0,00616294

0,00163416	0,00569294	0,00568342	0,00262248	0,00539661	GSK3B	0,00615128
0,00183063	0,00855824	0,006599	0,00325291	0,00748562	RAB13	0,00614448
0,0010884	0,00342631	0,00576819	0,00230941	0,0123789	HERC2	0,00613415
0,00150629	0,00224404	0,00432699	0,00446658	0,00773918	MAGI2	0,00610894
0,00249178	0,00833233	0,0059547	0,00263964	0,00441266	LIMA1	0,00610226
0,00269917	0,00416052	0,00331985	0,00249811	0,00566909	AAGAB	0,00605831
8,26E-05	0,00452574	0,02049218	2,79E-05	0,00015138	VIL1	0,0060272
0,00242161	0,01168333	0,00248904	0,00288409	0,00239177	POLR2G	0,00601225
0,00120067	0,00677355	0,00279423	0,00238018	0,00290266	LIMS1	0,00601197
0,00338526	0,0116871	0,00327237	0,00484613	0,00461702	RASA1	0,00601027
0,00314513	0,00977439	0,00363183	0,00288409	0,00258856	POLR2H	0,00599883
0,00076874	0,00208591	0,0062599	0,00249597	0,00887072	MTSS2	0,00598882
0,00193978	0,00250761	0,01274021	0,00766803	0,00536255	ARHGEF28	0,00598421
0,00271476	0,00354303	0,00613443	0,00451805	0,00625189	GIPC1	0,00596971
0,00101199	0,00190894	0,0058428	0,0021829	0,00815925	PLXNA2	0,00596474
0,00356303	0,00749646	0,0043236	0,00292697	0,00199062	NCBP2	0,00596332
0,00235768	0,01572713	0,00098341	0,00628281	0,00167651	SULF2	0,0059629
0,00084671	0,00817419	0,00206855	0,00153961	0,00090827	CAV1	0,0059449
0,00056759	0,00896111	0,00516119	0,00128658	0,00280805	ENG	0,00593823
0,00232805	0,00832103	0,00488313	0,00249382	0,00339086	ITGB1BP1	0,00592984
0,00066427	0,01590033	0,00279763	0,0006197	0,00132455	FBN1	0,00592281
0,00277401	0,0074927	0,00498486	0,00363674	0,00337194	SNX4	0,00591473
0,00097145	0,00420193	0,00796221	0,00285407	0,00411747	BCR	0,0059105
0,00094806	0,00466129	0,00816567	0,0041235	0,00669467	SORBS3	0,00589207
0,00282547	0,00907783	0,00311639	0,00485685	0,00390933	CYFIP2	0,00589199
0,00126616	0,00556493	0,00491704	0,00215288	0,00451484	KMT2A	0,00587525
0,00072196	0,00753788	0,00567324	0,00031736	0,01774145	SGIP1	0,0058675
0,00011383	0,00120109	0,0123672	0,0003195	0,00142295	IGF1R	0,00586738
0,00127552	0,00614853	0,006599	0,00450518	0,01056237	SHC2	0,0058402
0,00205361	0,01148001	0,00031876	0,00180765	0,00594535	SOCS3	0,00583125
0,00410567	0,00414169	0,00231609	0,00329151	0,00424992	GOT1	0,00581677
0,0010884	0,00653258	0,00815211	0,00471532	0,0087799	EPS8L2	0,00581583
0,00176826	0,00480813	0,00398789	0,00229226	0,00532092	SIN3A	0,00580861
0,0001263	0,00293684	0,00237035	0,00263106	0,00130185	ROBO1	0,0057892
0,00163884	0,00717266	0,00517476	0,00201779	0,00241826	RAP1A	0,0057741
0,00128175	0,00460481	0,00511372	0,00226867	0,00703149	TRIM33	0,0057257
0,00284574	0,00792946	0,00636163	0,00481182	0,0070277	ITGA3	0,00572328
0,00251829	0,0073948	0,00409301	0,0019942	0,00669467	PIK3C2A	0,0057033
0,00520498	0,01702988	0,00456098	0,00490402	0,00540039	ELF3	0,00568467
0,0023608	0,00611088	0,00490008	0,00428003	0,0047192	APC	0,00566469
0,00173239	0,00550468	0,00443551	0,00121796	0,00141916	LIFR	0,00566249
0,00263679	0,00624266	0,00272302	0,00233729	0,00652816	PTPN2	0,00565343
0,00060813	0,00594144	0,00317742	0,00109788	0,0025545	ZFP36L2	0,00560309
0,0023608	0,00626525	0,0039438	0,00330223	0,0040607	NUTF2	0,0055826
0,00238107	0,00594144	0,01223495	0,0059676	0,00127157	SLC9A3R1	0,00557948
0,00223917	0,00426971	0,0032995	0,00168328	0,00720557	RAPGEF1	0,00556873
0,00070013	0,00248125	0,00573428	0,00113863	0,00976007	GCFC2	0,00555069
0,00068922	0,00316275	0,00445246	0,002333	0,00713745	FLCN	0,0055298
0,00102915	0,00480813	0,00499503	0,00116865	0,0038904	WASF2	0,00552894
0,00324181	0,00577578	0,00298074	0,00464242	0,00374281	POLR2L	0,00552631

0,00236392	0,00461234	0,00575463	0,00428861	0,00856797	AP2A1	0,00551615
0,00223449	0,00821937	0,00278406	0,00170258	0,00281941	YES1	0,00551564
0,00181816	0,00502651	0,00463558	0,00257316	0,00463594	INPPL1	0,00551217
0,00037268	0,00836998	0,01011893	9,22E-05	0,00042007	RARRES2	0,00550325
0,0021269	0,00634055	0,00355722	0,00282619	0,00456403	CEP57	0,00548246
0,00203646	0,00926233	0,00708393	0,00234158	0,00234635	SNX9	0,00547438
0,00715412	0,00361833	0,00552065	0,01373212	0,00368604	FAM20C	0,00547173
0,00206921	0,00548586	0,00570037	0,00310924	0,00618756	WWP1	0,00547141
0,00228127	0,00803112	0,00781979	0,00378041	0,00314865	IGF2R	0,0054713
0,00370804	0,00627278	0,0064125	0,00258603	0,00779973	CIB1	0,0054623
0,00039139	0,01384078	0,00249921	0,00066259	0,00087799	MFGE8	0,00544671
0,00131294	0,00739857	0,00400145	0,00179693	0,00303512	BMPR2	0,00542745
0,00098237	0,00409274	0,00499503	0,00415352	0,00679307	STK11	0,00541679
0,00143769	0,00331712	0,00371999	0,00168542	0,00781108	CNOT9	0,00541103
0,00249022	0,00973674	0,00620903	0,00287551	0,00371632	NIBAN2	0,00536885
0,00149538	0,00658529	0,00434056	0,00415352	0,00277778	PACSIN2	0,00536501
0,00400275	0,00987982	0,00338767	0,00349307	0,00362928	FAF2	0,00535635
0,00137999	0,00900253	0,00247887	0,00185268	0,00293294	FERMT2	0,00534659
0,00103382	0,007071	0,00407606	0,00156534	0,00567287	SHC1	0,00533704
0,000368	0,00030498	0,00035606	0,00051892	0,00184302	HAP1	0,0053315
0,0023187	0,00654387	0,00690081	0,0020521	0,00523009	FRS2	0,0053177
0,01331184	0,00920585	0,00182439	0,00723059	0,00125643	ID1	0,00528807
0,00129267	0,00321546	0,00722635	0,00301703	0,00158568	LRIG1	0,00528343
0,00190236	0,00454457	0,00446942	0,00232228	0,00747048	ARAP1	0,00526084
0,00239666	0,00652505	0,00375051	0,00243593	0,00223282	BAD	0,00523471
0,00087945	0,00457092	0,00434395	0,00162538	0,00557448	CCDC88A	0,00520804
0,00057227	0,00686015	0,0034148	0,00062185	0,00317136	ZFP36L1	0,00520747
0,00472159	0,01660442	0,00165823	0,00199849	0,00326597	TWSG1	0,00519491
0,00183375	0,00572306	0,0055749	0,00235659	0,00310324	MAPKAPK2	0,0051888
0,00179633	0,00449938	0,0038319	0,00156105	0,0034779	ABL1	0,0051595
0,00144548	0,00660788	0,00530701	0,00283048	0,00324326	MAPK3	0,00513541
0,00173707	0,01206738	0,00257382	0,00203923	0,00282698	DUSP6	0,00512709
0,00297205	0,01178123	0,00202107	0,00067546	0,00242583	GPNMB	0,00511872
0,00165911	0,00504157	0,0059954	0,00273399	0,00237284	CD2AP	0,00511686
0,00277401	0,00598663	0,00376747	0,00167041	0,00532092	EMD	0,00510811
0,00314201	0,00713877	0,0034894	0,00409776	0,00383742	DERL1	0,00510801
9,36E-05	0,0068865	0,00269589	0,00040742	0,00217227	DPP4	0,0050893
0,00197721	0,00774496	0,00317064	0,00241449	0,00439752	FER	0,0050843
0,00066271	0,00581719	0,0036047	0,00164039	0,00474947	ZEB1	0,00507866
0,00247463	0,00517335	0,0045508	0,0036882	0,00457917	STAM2	0,00506897
0,00128955	0,00712747	0,00391328	0,00199635	0,00433697	LRP6	0,00506674
0,00067674	0,00480436	0,00405232	0,00043315	0,00244475	F3	0,00504747
0,0013488	0,00615606	0,00286884	0,00131875	0,00680821	PLCG1	0,0050417
0,00125836	0,00481942	0,00433038	0,00193631	0,00467757	CREB1	0,005011
0,0017589	0,00356939	0,0069415	0,00372037	0,00263775	MAPK8IP2	0,0050045
0,00108216	0,00957484	0,00340802	0,00128015	0,00145322	HYAL2	0,00496655
0,00193043	0,00465752	0,00343854	0,00190629	0,00278156	ELMO2	0,00496612
0,00074691	0,0016002	0,00439481	0,00144955	0,0063957	PTK2B	0,00495847
0,00096677	0,00506416	0,00413031	0,00146456	0,00466243	SOS1	0,00494196
0,00017932	0,00869002	0,0204854	0,00079768	0,00608916	ADAMTSL2	0,00493166

0,00089037	0,00484578	0,01006128	0,00174761	0,00510142	DOCK1	0,00492401
0,00225788	0,00713877	0,0032995	0,00204352	0,00612322	MTMR4	0,00491425
0,00152501	0,00825326	0,00112244	0,00332153	0,0120875	PPARGC1A	0,00489211
0,00199124	0,00358068	0,00408962	0,00349307	0,00532471	NUP62	0,00488909
0,00173551	0,00771861	0,00315369	0,00024874	0,00225931	IL1R1	0,00486708
0,00223761	0,01490256	0,00168197	0,00085772	0,00023085	ESM1	0,00485644
0,00141118	0,00783156	0,00282814	0,00184839	0,00294808	CRK	0,00484918
0,00186182	0,00398355	0,00484583	0,00346305	0,0049614	ESRP1	0,00484275
0,00040854	0,00809136	0,00550708	0,00070119	0,00312973	HEG1	0,00482224
0,00237639	0,00602804	0,00122078	0,00125871	0,00297835	JPT1	0,004822
0,00146575	0,00408898	0,00615478	0,00299774	0,00342492	REPS1	0,00482019
0,00110555	0,00338866	0,00517815	0,00250455	0,00591508	CBLB	0,00481956
0,00118975	0,00456716	0,00710088	0,00064329	0,00249016	SGPL1	0,00479493
0,00131762	0,00316275	0,00878963	0,00155891	0,00815925	CEACAM1	0,00479385
0,00126304	0,00338489	0,00456098	0,00308994	0,00594914	PDPK1	0,00478831
0,00179165	0,01048224	0,00381155	0,00202637	0,00333788	CAT	0,00478556
0,00251205	0,00525995	0,00205837	0,00166827	0,0056918	PLCB1	0,0047705
0,00331198	0,01277523	0,00271624	0,00342874	0,00135861	JAG1	0,00475973
0,00135192	0,00485331	0,00488652	0,00147743	0,0022139	PAK2	0,00474782
0,00075003	0,01069309	0,00162771	0,00130588	0,00265668	CD93	0,00473324
0,00199904	0,00679237	0,00325881	0,00284549	0,00381471	OGFR	0,00473238
4,52E-05	0,00890464	0,00305535	0,00018655	0,00232743	APOD	0,00473158
0,00186494	0,00509428	0,00438803	0,00291625	0,00320542	PTPRJ	0,00472525
0,00306405	0,01140471	0,00237035	0,00311782	0,00499546	ERN1	0,00472514
0,00105565	0,00491355	0,0025806	0,00146885	0,00258099	ZYX	0,00471869
0,00187273	0,00665306	0,00441177	0,00331295	0,00365577	KAT5	0,00470075
0,0023187	0,004281	0,00297396	0,00275972	0,00213821	HRAS	0,00469775
0,00151565	0,00525618	0,00409979	0,00171759	0,00435589	ABI1	0,00469081
0,00253388	0,00734209	0,00275693	0,00230084	0,00329246	PTPN1	0,00465322
0,00220019	0,01191678	0,0038692	0,00146456	0,00564638	ING2	0,0046371
0,00068454	0,00412663	0,00529005	0,00132732	0,00585074	ARNT	0,00462289
0,00200995	0,00622383	0,00606322	0,00229012	0,00558962	MYO6	0,00461877
0,0017168	0,00573436	0,00392685	0,00238875	0,00418559	RPS6KB1	0,00461834
0,00072508	0,00296319	0,00381155	0,00201993	0,0071261	RNF111	0,00461268
0,00244968	0,0075567	0,0032622	0,00161895	0,00426506	EEA1	0,00460038
0,0022688	0,00449185	0,00594114	0,00372465	0,00227066	RAB4A	0,00460029
0,00160921	0,00210097	0,00604287	0,00229655	0,00396609	PAK4	0,00455748
0,00087166	0,00345266	0,00524597	0,00281118	0,00275129	EP300	0,00454357
0,00152345	0,00785792	0,00393363	0,00156534	0,00287996	SP1	0,0045393
0,00093403	0,00418311	0,00403536	0,00163182	0,00603996	ANKFY1	0,004518
0,004706	0,00519971	0,00261112	0,00432077	0,0033076	SNX25	0,00451798
0,00165287	0,00333594	0,00269589	0,00292269	0,00383364	BAIAP2	0,00449775
0,00218615	0,00468764	0,00399806	0,00265894	0,00501817	SCAMP3	0,00448726
0,00084203	0,00181105	0,01177037	0,00022301	0,00050333	ERBB3	0,00447367
0,00049742	0,00258291	0,00325542	0,00087916	0,00662277	LAIR1	0,00447168
0,00291435	0,00432242	0,00317742	0,00491903	0,00373146	PTPN3	0,00446963
0,00219863	0,00263186	0,00430326	0,00305563	0,00333788	TSC22D4	0,00446851
0,00107748	0,00409274	0,00385903	0,00227725	0,00340221	SIAH1	0,00446266
0,0018088	0,00644221	0,00375051	0,00249168	0,00515062	FBXW7	0,00444519
0,00022142	0,00724043	0,00216689	0,00055537	0,00188465	PLAT	0,00442961

0,00063308	0,01015467	0,00395737	0,00142167	0,00085528	KDR	0,00442398
0,00208636	0,01479713	0,00123435	0,000416	0,00575992	RAB31	0,00442108
0,00188677	0,0069731	0,00346566	0,00160823	0,00688768	GDF15	0,00440131
0,00264303	0,00582096	0,00247887	0,00076552	0,00915456	NEDD4L	0,00438278
0,00251361	0,00565529	0,00143442	0,00114506	0,00151378	NTRK2	0,00435502
0,00201463	0,00607323	0,00236696	0,00240162	0,00269452	MGAT5	0,00435242
0,00182907	0,00430736	0,00504929	0,00222793	0,0080495	MLLT3	0,00432774
0,00211443	0,00405886	0,00428969	0,00265465	0,00566152	ZFYVE27	0,00432619
0,00147043	0,00458975	0,00351314	0,00355954	0,002335	PDGFA	0,00431717
0,00110243	0,00330582	0,00579532	0,0033687	0,00944217	PLXNA3	0,00431597
0,00153592	0,00253773	0,00320455	0,00091776	0,00398501	JAK2	0,00430846
0,0010463	0,00338489	0,00452707	0,00308994	0,00570315	WWOX	0,00429119
0,0010385	0,00969156	0,00161754	0,00151602	0,00147972	EPS8	0,00428973
0,00160297	0,00464999	0,00453046	0,00187412	0,00289131	MAPK14	0,0042668
0,00098237	0,00308368	0,0050832	0,00165326	0,00565395	ZFAND2B	0,00426161
0,00228595	0,00545574	0,00329272	0,0022408	0,00728883	EIF2AK3	0,00426099
0,00101043	0,0054708	0,00183456	0,00110861	0,00207387	CSRNP1	0,00425189
0,00099484	0,05904545	0,00661935	0,00036453	0,00214199	C5	0,00424285
0,00035552	0,00965767	0,00333002	0,00025732	0,00053361	SMOC2	0,00422809
0,00190548	0,00483072	0,00403875	0,00210356	0,00351574	ZFYVE9	0,00421757
0,00127864	0,00306485	0,00492721	0,0035188	0,00492734	TAOK2	0,00419534
0,00069545	0,00692792	0,00137677	0,00046746	0,0008023	LTBP1	0,00417591
0,00148291	0,00658905	0,00404893	0,00171973	0,00339086	BMPR1A	0,00416152
0,00091999	0,00262056	0,00233644	0,00114291	0,00342113	SH3GL2	0,00414113
0,00205361	0,00516582	0,00343175	0,00791677	0,00180896	PTPRK	0,00411442
0,00177761	0,00477424	0,00374373	0,0025024	0,00361035	PPP1R9B	0,00410389
0,00023078	0,00710865	0,00381155	0,0002809	0,00111641	LTBP2	0,00410385
0,00178385	0,00677731	0,00090202	0,00211643	0,00449591	LDLRAD4	0,00409988
0,00065803	0,00358068	0,00539518	0,00061113	0,00506358	FOXO1	0,00409932
0,00248086	0,00942046	0,00187187	0,00283048	0,00228202	WDR54	0,00408233
0,00067674	0,00535784	0,00192273	0,0011279	0,00282698	PIK3R3	0,00407891
0,00046779	0,0073082	0,00099358	0,0006776	0,00196034	ITGA5	0,00407226
0,0007703	0,00267327	0,00248904	0,00151173	0,00742128	SOCS2	0,00407194
0,00179477	0,00357315	0,0070568	0,00194488	0,00432561	IL17RC	0,00406769
0,00075159	0,00373129	0,00233305	0,0016747	0,00747048	ARRB2	0,00406685
0,00522057	0,00350914	0,00128182	0,00297415	0,0036482	SNCA	0,00404209
0,00163572	0,0045521	0,0028078	0,00144741	0,00300863	MED1	0,00403661
0,00110711	0,00362586	0,00336054	0,00140881	0,00532471	KAT2A	0,00401762
0,00181192	0,00662294	0,00277389	0,0019749	0,00278535	SMURF2	0,00400174
0,00217368	0,00381789	0,0041337	0,0032572	0,00351953	NLK	0,00396809
0,00047559	0,0041944	0,00169214	0,00062828	0,00183545	TIPARP	0,00396435
0,00202866	0,00839257	0,00429987	0,00134877	0,00317893	NET1	0,00395709
0,00150629	0,00393084	0,00344871	0,00214216	0,00446185	RPTOR	0,00393929
0,00103226	0,00358821	0,00297057	0,00200492	0,00296322	PLEKHF2	0,0039265
0,00204893	0,00641962	0,00286206	0,00115149	0,00314865	LEMD3	0,0039132
0,00195694	0,00649493	0,00197699	0,00073121	0,00333031	ADAM15	0,00388518
0,00027132	0,00208214	0,01720963	0,00024231	0,00068877	ADA2	0,00388264
0,00172616	0,00526748	0,00249243	0,00185482	0,00138132	NCK1	0,00388074
0,00100108	0,00592262	0,00132591	7,72E-05	0,0002687	IGFBP6	0,00387547
0,00013566	0,00416805	0,00410657	0,00047818	0,00198683	CXCL12	0,00387063

0,00113674	0,00392331	0,00230931	0,00085129	0,00482894	PAK1	0,00386668
0,00088569	0,00664177	0,00313673	0,00073979	0,00195656	SH3D19	0,00384923
0,00073288	0,0100116	0,00163449	0,00057039	0,00057524	CAV2	0,00384371
0,0011383	0,00390072	0,00289936	0,00159107	0,00253936	POLR2D	0,00378593
0,01051443	0,00652881	0,00316386	0,00651225	0,00485543	LRP5/7	0,00377089
0,00068454	0,00214991	0,00379121	0,00270826	0,00260369	RNF126	0,00376653
0,00120535	0,00204449	0,00275015	0,00211214	0,00477218	EPS15L1	0,00376453
0,00291903	0,0045521	0,00239748	0,00090704	0,00410233	TAOK3	0,00375759
0,00097145	0,00753411	0,00162771	0,0005082	0,00224796	CYBA	0,00374357
0,00088725	0,00301214	0,00490008	0,0012437	0,00478353	PARD3	0,00373915
0,00074223	0,00323428	0,00172605	0,00185268	0,00369361	PRKCH	0,00370803
0,00115233	0,00226287	0,00381494	0,00142596	0,00532471	TSC1	0,00370003
0,00106501	0,00603934	0,00294005	0,00127801	0,001703	RAMP2	0,0036955
0,0065725	0,00319663	0,00362165	0,00299559	0,00272858	PDE3A	0,00369113
0,00084203	0,00331335	0,00351653	0,00146885	0,00306161	DNAJC13	0,00367364
0,0026212	0,00255279	0,00225506	0,00139809	0,00442022	NCBP1	0,00366779
0,00015905	0,00019955	0,02114665	4,29E-05	0,00029519	ALB	0,00366251
0,00224229	0,0031025	0,00240087	0,00316928	0,00319407	GTF2F2	0,00366115
0,00132853	0,00404003	0,00264503	0,00165326	0,0028686	STAMPB	0,00365243
0,00044908	0,00364092	0,00257721	0,00129087	0,00207387	ARID5B	0,00363467
0,00028224	0,00925856	0,00011191	4,93E-05	0,00024599	GREM1	0,00363386
0,00084671	0,00370493	0,00309943	0,00110646	0,00283454	ITSN1	0,00359987
0,00338838	0,00252267	0,00361487	0,00423071	0,00290645	LRP3	0,00358907
0,00110711	0,0037087	0,00385564	0,00199849	0,00165002	NF2	0,00358329
0,00044908	0,00264692	0,00534092	0,00095207	0,00219119	TNK2	0,0035663
0,00056915	0,00388942	0,00281458	0,00124155	0,00315622	EPN2	0,00356216
0,00208324	0,0011898	0,00422187	0,00243378	0,00430669	MVB12A	0,00353132
0,0033073	0,00533525	0,00259416	0,00120939	0,00213442	KRAS	0,00353058
0,00195226	0,00801982	0,00038319	0,00273828	0,0010218	MAPT	0,00351527
0,00250893	0,00361833	0,00206177	0,00289695	0,00235014	SOCS4	0,00350931
0,00017152	0,00648739	0,00206177	0,0001501	0,00054118	PDGFRA	0,00350403
0,00125836	0,00294813	0,00101732	0,00071834	0,00344006	CCN3	0,00349834
0,00105721	0,00346396	0,00380138	0,00188699	0,00293672	DENND2B	0,00349693
0,00278181	0,00485331	0,0029197	0,00213144	0,00307675	KIF16B	0,00348813
0,00038983	0,01401021	0,00171927	0,00022301	0,00076067	MXRA8	0,00348605
0,00197721	0,00198048	0,00243139	0,00206925	0,00219119	SMURF1	0,00347159
0,00147199	0,00464622	0,00270946	0,00117293	0,00294429	ACVR2A	0,00345935
0,00132697	0,00424712	0,0023127	0,00179264	0,00207387	HTRA2	0,003445
0,00033837	0,00349032	0,00359792	0,0004503	0,00232365	GAB1	0,00342819
0,00075159	0,00245489	0,00399467	0,00205853	0,00367469	SH2B1	0,00342542
0,00092779	0,00166421	0,00355383	0,00141524	0,00330003	GIGYF1	0,00341646
0,00179009	0,00238336	0,00367252	0,00216575	0,0042083	GSK3A	0,00341357
0,00139714	0,004281	0,00198038	0,00142596	0,00129049	CDC5L	0,00340349
0,00039295	0,00278999	0,00283493	0,00032593	0,00329246	KSR1	0,00339542
0,00070481	0,00344137	0,00077994	0,00014581	0,00305404	APOL1	0,00338248
0,00081552	0,00339242	0,00356061	0,00170901	0,00407206	LRIG2	0,0033791
0,00146731	0,00444667	0,00358435	0,00155676	0,00194899	MAP3K7	0,00337833
0,00227971	0,00590379	0,00334359	0,00283477	0,00186194	NUS1	0,00336543
0,00098237	0,0036108	0,00361148	0,00094135	0,00422343	RAB11FIP2	0,00336469
0,00087789	0,00342631	0,00424222	0,00114506	0,00387148	ITGB8	0,00336189

0,00171212	0,00358821	0,00199394	0,00076123	0,00179382	ELK1	0,00336039
0,00171524	0,00524489	0,00250599	0,00198563	0,00092719	VTA1	0,00335688
0,00268046	0,00385554	0,0041337	0,00023802	0,00368226	BAMBI	0,00334071
0,00589731	0,00213485	0,00042727	0,00109145	0,00022707	MET	0,00332081
0,0010884	0,00506416	0,00229575	0,00198348	0,0030162	INPP5K	0,00332021
0,00093403	0,00220263	0,00251278	0,00125227	0,00429534	MTOR	0,00331638
0,00093403	0,00367858	0,00442533	0,00183981	0,0024561	PIK3CB	0,00329549
0,00082955	0,00205955	0,0025433	0,00187627	0,00169921	PNPLA2	0,00325352
0,00140806	0,00328323	0,0046661	0,00267609	0,00356873	SH3KBP1	0,00325162
0,00138311	0,00388942	0,00222454	0,00150101	0,00220254	SOCS5	0,00324839
0,00096054	0,00213862	0,00282475	0,00215074	0,00431426	PRKD2	0,00324779
0,00070481	0,00625019	0,00244496	0,00053179	0,00119967	NCK2	0,00324487
0,00033057	0,0056327	0,00124791	0,00088131	0,00118453	CDH5	0,00321759
0,00110867	0,00462363	0,00210924	0,00036024	0,00031032	SDC4	0,00321625
0,00088725	0,00088858	0,00191934	0,00417496	0,00289888	SMPD3	0,00320874
0,0005941	0,00327194	0,0023534	0,00096708	0,00309189	SKI	0,00320615
0,00161389	0,00335477	0,00233644	0,00168113	0,00505979	STAM	0,00319894
0,01322296	0,0022591	0,00040015	0,00464027	0,00325462	SFRP1	0,0031892
0,00079993	0,00381036	0,00292309	0,00141738	0,00111263	PIK3CA	0,00318823
0,00308276	0,00428853	0,00148528	0,00153318	0,00099152	TAF5	0,00317322
0,00077654	0,00412663	0,00263146	0,00180979	0,00471163	PELP1	0,00316799
0,00023858	0,00652128	0,00107497	0,00057682	0,00088556	S1PR1	0,00316696
0,00079057	0,00358445	0,00310621	0,00136163	0,00184302	RIPK1	0,00315431
0,00033525	0,00650622	0,00339445	0,00031736	0,00741372	MYOF	0,0031513
0,00158738	0,00247372	0,00303839	0,00072049	0,00112398	VAV2	0,00314657
0,00226724	0,0051244	0,00235001	0,00244665	0,00197926	ARRB1	0,00314391
0,00165755	0,00157761	0,00373695	0,00185268	0,00263397	PIK3R2	0,00314154
0,00084203	0,00580966	0,00206177	0,0003195	0,00134348	S100A13	0,00312725
0,00050366	0,00879168	0,00119026	0,00021443	0,00309189	INHBA	0,00311576
0,00097925	0,00161903	0,00328933	0,00055537	0,00140024	MVB12B	0,00308389
0,00134413	0,0063142	0,00205498	0,00048676	0,00095368	OGFRL1	0,00306911
0,00129735	0,00265821	0,00025772	0,00189556	0,00033682	CDH13	0,00306718
0,0019086	0,00245113	0,00214993	0,00053393	0,00635029	LDLR	0,00306702
0,00026976	0,00644221	0,00087489	9,86E-05	0,00358386	FAP	0,00306468
0,00027444	0,00255279	0,00672786	0,00012866	0,00507493	KIAA1217	0,00305729
0,00116792	0,00279376	0,00752476	0,00135306	0,00273993	PBLD	0,00305474
0,00993281	0,01009067	0,00181422	0,00181408	0,00107857	HPGD	0,00305389
0,00147823	0,0027034	0,00335715	0,00350808	0,00231986	MAPKAPK3	0,00305294
0,00078589	0,0031138	0,0015938	0,00089417	0,00201332	ARHGAP32	0,00303927
0,00084827	0,00207085	0,00228218	0,00123512	0,00471541	TRAF3	0,00301589
0,00121003	0,00341125	0,00233305	0,00104213	0,00130563	PRKCI	0,0030113
0,00010915	0,00166044	0,00172944	0,00022086	0,0023842	PLCE1	0,00301013
0,00078122	0,00401368	0,00155989	0,00107215	0,00202468	RELA	0,0030023
0,00096833	0,00348279	0,00230592	0,00146456	0,00353088	SIRT1	0,00299963
0,00058474	0,00198425	0,00257382	0,0008084	0,00226688	CSK	0,00299611
0,00057383	0,00152866	0,0022008	0,00165755	0,00653573	SHKBP1	0,00299134
0,00087945	0,01333248	0,00017634	9,01E-05	0,00023464	INHA	0,00294752
0,00188053	0,00314769	0,00165823	0,00126943	0,00245989	SLC25A40	0,00291276
0,00048027	0,00378023	0,00162771	0,00045888	0,0032584	WIPF1	0,0028976
0	4,89E-05	0,01496475	0	8,70E-05	HPN	0,0028972

0,00069857	0,00377647	0,0023907	0,00105714	0,00137375	FZD6	0,00289516
0,00052861	0,00069279	0,00108175	0,00073121	0,00076824	OLFM2	0,00289093
0,00040386	0,00450315	0,00103088	0,00146027	0,00230472	NRP2	0,00288975
8,89E-05	0,0166383	0,00015938	0,00103355	0,00067363	IGF2	0,00288614
0,0014408	0,00208591	0,00280441	0,00170258	0,00320542	ARHGEF18	0,00286168
0,00058474	0,00176587	0,0034894	0,00088989	0,0025545	CELSR3	0,00286145
0,00052705	0,00459351	0,00248226	0,00152031	0,00385256	MAP2K3	0,00284482
0,0014143	0,00399108	0,00197021	0,00095422	0,00306161	SMAD1	0,00283999
0,00163416	0,00419064	0,00458132	0,00119652	0,00228202	SRC	0,00283324
0,00051145	0,00473659	0,00177013	0,00035595	0,00351196	MYO1E	0,00282894
0,00226412	0,0017734	0,00357079	0,00272327	0,00122237	MAP3K5	0,00282778
0,00181192	0,00679614	0,00126147	0,00080197	0,0025545	TYROBP	0,00281962
4,68E-06	6,78E-05	0,00033232	0,00016726	7,95E-05	CASR	0,00281092
0,00293774	0,00509428	0,0016684	0,00114077	0,00197926	RPS6KA6	0,00280291
0,00077966	0,00326817	0,00150902	0,00078053	0,0021155	RIT1	0,00280286
0,00112114	0,00557999	0,00181083	0,00057039	0,00259613	SPRED1	0,00280223
0,00060189	0,00312509	0,00356061	0,00128873	0,00185816	ACVR1	0,00278926
0,00322777	0,00383671	0,0012513	0,00301703	0,00197926	CADM4	0,00277614
0,00127396	0,00382165	0,00217706	0,00210571	0,00202089	FZD3	0,00277277
0,00191172	0,00615229	0,00124113	0,00179693	0,00075689	ACVR1B	0,00276951
0,00056759	0,00481942	0,00078673	0,0003967	0,00264911	IRS1	0,00275576
0,00036956	0,00558375	0,00189899	0,00117508	0,00036331	PDGFD	0,00273038
0,00094182	0,00335101	0,0013666	0,00182695	0,00151756	ZPR1	0,00272051
0,00096365	0,00174704	0,00289936	0,00213787	0,00277778	ZBTB7A	0,00271758
0,00062528	0,00195036	0,00074942	0,00131017	0,00065849	DAB2IP	0,00271249
0,00037579	0,00652128	0,00118009	0,00103784	0,00118831	ISG15	0,00270366
0,00089504	0,00309497	0,00170909	0,00099281	0,00125265	DUSP22	0,0026986
0,00097301	0,00165668	0,00224488	0,00184196	0,00305026	PIP5K1C	0,00268421
0,00076094	0,00312886	0,0051985	0,00117937	0,00237284	CUL7	0,00267652
0,00123653	0,00275987	0,00152598	0,00135949	0,00187708	BAG4	0,00266637
6,71E-05	0,01600952	0,00252295	0,00014152	0,00509764	MUC20	0,0026602
0,00076406	0,00301967	0,00077316	0,00105285	0,0017749	PRKD1	0,00265554
0,00048651	0,0068865	0,00107836	0,00081912	0,00053739	CLEC14A	0,00265422
0,00061281	0,00262809	0,00138016	0,00036453	0,00221768	RPS6KA1	0,00262996
0,00055356	0,00178846	0,00264164	0,00089417	0,0033568	TGFBRAP1	0,00262715
0,00012786	0,00123498	0,00227201	0,00031307	0,00399637	RHBDF2	0,00262444
0,00017464	0,00386683	0,00243139	0,00040742	0,00166894	ADGRA2	0,00261586
0,00089193	0,00306109	0,0031503	0,0010936	0,00298971	FGFR1OP	0,00260831
0,00015905	0,00434125	0,00179387	0,00055752	0,00094233	LRRC32	0,00259645
0,00012007	0,00090741	0,00250939	0,00011579	0,00053361	FLRT2	0,00259517
0,00038671	0,00236829	0,00235001	0,00083413	0,00210415	PML	0,00259496
9,98E-05	0,00154372	0,00376408	0,00041171	0,00184681	CGN	0,00259293
0,00133945	0,0013517	0,00369287	0,002972	0,00628595	TRPC4	0,00257924
0,00148602	0,00421323	0,00077655	0,00043101	0,00015138	EGFR	0,00256985
0,00064711	0,00352044	0,00152259	0,00081055	0,00219119	ADAM17	0,00256868
4,99E-05	0,01406669	0,0014785	3,00E-05	4,92E-05	GPFR1	0,00255698
0,00074691	0,00224028	0,00229236	0,00068618	0,00168408	BID	0,00255448
0,00054732	0,00277117	0,00168197	0,00112576	0,0014343	SPRED2	0,00255293
0,00032122	0,00153619	0,00238731	0,00083842	0,00396988	CAD	0,00255243
0,00184311	0,00234947	0,00260094	0,00296557	0,00405313	AKT1S1	0,00254621



0,00030251	0,00647233	0,00140729	0,00049319	0,00049576	TMEM204	0,0025384
0,00076406	0,00399108	0,00150902	0,00055537	0,00271723	MEF2C	0,00253379
0,00041166	0,00177716	0,00211263	0,0003774	0,00558205	FZD5	0,00251454
0,00014502	0,00555363	0,00122417	0,00019513	0,00082879	FMOD	0,00249422
0,00075003	0,01036929	0,00047136	0,00059612	0,00037466	ANGPT2	0,00246873
0,00081396	0,00299708	0,00155989	0,00076766	0,00135105	TWF2	0,00244454
0,00556518	0,01078722	0,0007223	0,00528571	0,00150621	BMP2	0,00244309
0,00067206	0,0026808	0,00184474	0,0013166	0,00331895	ZGPAT	0,00244202
0,00028847	0,00501898	0,0010241	0,00033666	0,00142673	SPRY4	0,00243056
0,00046468	0,01131435	0,00010512	0,0002273	4,92E-05	APLN	0,0024103
0,00038203	0,00213862	0,00195664	0,00139809	0,00249773	ETV6	0,0024048
0,00046312	0,00493238	0,0007969	0,00041171	0,00040494	PMEPA1	0,00238643
0,00159206	0,00195789	0,00125469	0,00218933	0,00210415	EID2	0,00238455
0,0011882	0,00181105	0,0023534	0,0026332	0,00173327	FGF12	0,00236821
0,00033057	0,00633302	0,00092915	0,00054251	0,00085528	DLL4	0,00234989
0,00029783	0,00430736	0,0011767	0,0003002	0,00086285	AXL	0,00234628
0,00047871	0,00496626	0,00366913	0,00230084	0,00074175	AGRN	0,00234504
0,00116013	0,00152866	0,00141746	0,00163396	0,00184302	CDK5	0,00234282
0,00110399	0,00377647	0,00138016	0,00099281	0,00169164	PDCL3	0,00232274
0,00032902	0,00339619	0,00167179	0,00040099	0,00157433	TRIP10	0,00230012
0,00065647	0,00153619	0,00148868	0,00057682	0,00305026	C5AR1	0,0022869
0,00128643	0,00332088	0,00189899	0,00129302	0,00243339	WIPF2	0,00228508
0,00058942	0,00147971	0,00229236	0,00110217	0,00259613	PRKCZ	0,002269
0,00053796	0,00224028	0,00249243	0,00137664	0,00434832	RABEP2	0,00225904
0,00102291	0,00197672	0,0014785	0,0026718	0,00167651	FUZ	0,00225735
0,0004101	0,00215745	0,00200412	0,00037311	0,00127157	MAGI3	0,00225273
0,00097769	0,00844905	0,00079351	0,00041171	0,00096125	TGFB3	0,00224582
8,58E-05	0,00892723	0,00023059	6,65E-05	0,00038601	CYP1B1	0,00223023
0,00029939	0,00142324	0,00158702	0,00102927	0,00266046	DGKD	0,00216562
0,00072664	0,00366351	0,00169214	0,0008663	0,00078716	GPC1	0,00216154
0,00090596	0,00415675	0,00119365	0,00032808	0,00194899	THBD	0,00215052
0	0,00023344	0,00010173	2,57E-05	0,00025356	KRT17	0,00214712
0,00015593	0,00216121	0,00087489	0,00030664	0,00084015	TGFBR3	0,00214369
0,00030095	0,00477424	0,00128521	0,00055537	0,00082501	MMRN2	0,00212217
0,0003259	0,01359981	0,00266198	0,00010293	0,00080987	CD109	0,00211305
0,00026664	0,00504533	0,00116313	0,00043529	0,00062822	ACVRL1	0,00210527
0,00114765	0,0040438	0,00165484	0,00110217	0,00154784	CHMP6	0,0020971
0,00229842	0,00453703	0,00061717	0,00048461	0,00119588	TGIF1	0,00209394
0,00019647	0,00109943	0,00039336	0,00060898	0,00049576	PDE2A	0,00208941
0,00105254	0,00191647	0,00304856	0,00186126	0,00277778	GALNT3	0,00207075
0,00081708	0,00321546	0,00272641	0,00190629	0,0011921	SMAD9	0,00206402
0,00049274	0,00515452	0,00095967	0,00142811	0,00195656	JAG2	0,00206391
0,00044596	0,00353926	0,0025399	0,00068189	0,00267181	VEGFC	0,00206295
0,00058786	0,00420193	0,0012886	0,00069475	0,00039358	CYTH3	0,00205613
0,00047091	0,00240218	0,00187187	0,00047389	0,00172192	PLXNA1	0,00205411
0,00026508	0,00038405	0,00057309	4,72E-05	0,00025356	RASGRP1	0,00204968
0,00036644	0,00141194	0,0015565	0,00074622	0,00124508	ANKS1A	0,00204773
0,00031342	0,00189388	0,00067821	0,00034738	0,00136997	BRCA1	0,00203314
1,72E-05	0,00083963	0,00148868	4,07E-05	0,00010596	GPC3	0,00203212
0,00071416	0,00248878	0,0017837	0,00188484	0,00280805	ZFYVE28	0,00202701

0,00026976	0,00261303	0,00181083	0,0005661	0,00074175	SPRY2	0,00201333
0,00097769	0,00267327	0,00157345	0,00094135	0,00219876	PPP2R5B	0,00199553
0,00107281	0,00278246	0,00169214	0,00096494	0,00201711	RMDN3	0,00199368
0,00101667	0,00190518	0,00116992	0,00051678	0,00171057	TRAF2	0,00199065
0,0001918	0,00152113	0,00383868	0,00068189	0,00312973	PIK3C2B	0,0019812
0,00030407	0,00400615	0,00090541	0,00022301	0,0002195	LOX	0,00197544
0,00011071	0,00094506	0,00204481	0,00022944	0,00134348	PLCG2	0,00196361
0,00037579	0,00212732	0,00101393	0,00016511	0,00237663	RGS14	0,00196093
0,00109931	0,00108437	0,00501538	0,00243164	0,00079095	PRG4	0,00195575
7,95E-05	0,00535784	0,00119026	0,00012008	0,00066228	HTRA3	0,00194406
0,00169185	0,00155878	0,00102071	0,00129516	0,00124887	PARD6A	0,00193714
9,98E-05	0,00410404	0,00263825	0,00014367	0,00202089	CDKN1C	0,00193625
0,00269449	0,0085846	0,00053918	0,00205424	0,00090448	SDC1	0,00193311
0,00051145	0,00424712	0,00149885	0,00085772	0,00185816	TP53	0,00192129
0,0015328	0,00296696	0,00103767	0,00174761	0,0017749	PRKCA	0,0018959
0,0005785	0,00222522	0,00210585	0,00088345	0,00184681	DSTYK	0,00188518
0,00017776	0,00477424	0,00094272	0,00205853	0,00057145	TNFRSF12A	0,00187697
0,00043505	0,00304603	0,00122078	0,00064758	0,00073797	FZD1	0,00187622
0,00028847	0,00103542	0,00097663	0,00082127	0,00118453	EHD1	0,00187436
0,00106813	0,00397602	0,00124452	0,00025517	0,00147215	CYBB	0,00187134
0,00014658	0,00553104	0,00152259	0,00016297	0,00044656	EMILIN1	0,00185414
0,00036332	0,00232688	0,00141746	0,00040956	0,00158568	RAP2B	0,00184465
0,00020271	0,00394967	0,00127843	0,00033666	0,00037466	FZD4	0,00183717
0,00035085	0,00317404	0,00118009	0,00023159	0,00053739	KITLG	0,00183413
9,82E-05	0,00443538	0,00077994	7,93E-05	0,00035195	MXRA5	0,001828
0,00037112	0,00804618	0,00030859	9,65E-05	0,00063957	KIT	0,00182059
0,00085606	0,00247748	0,00132591	0,00060255	0,00130563	LYN	0,00181822
0,00023234	0,00797087	0,0007223	0,00064972	0,00099152	PDGFB	0,00180286
0,00033525	0,00893852	0,00230931	0,00464671	0,00040115	FGF1	0,00180114
0,00010136	0,00314392	0,00062056	0,00013938	0,00124887	OSMR	0,00179874
0,00107748	0,00075304	0,00018651	0,00010078	0,00194142	NR4A3	0,00179648
0,00061125	0,00347526	0,00185491	0,00049533	0,00038223	CX3CL1	0,00178557
0,00019647	0,00103542	0,00192612	0,00047818	0,00162352	ZFHX3	0,00178125
0,00010136	0,00362963	0,00353349	0,00038598	0,00118453	TNFSF12	0,001776
0,00038359	0,00155502	0,00183117	0,00093921	0,00146458	TAB1	0,0017751
0,0003259	0,00059866	0,0015158	0,00113648	0,00079473	FGFBP3	0,00176113
6,86E-05	0,00012802	0,00298752	0,000416	0,00065849	FGFR4	0,00175946
0,0013644	0,00374258	0,00096306	0,0007162	0,00125643	ATP7A	0,00175629
0,00108372	0,00595651	0,00048492	0,00028305	0,00152513	PLAU	0,00175164
0,0005021	0,00257161	0,0008342	0,00046103	0,00057145	FAM89B	0,00175087
0,00051613	0,00147595	0,0010614	0,00081698	0,00113533	VASN	0,00174803
0,00095274	0,00415299	0,00071551	0,00127157	0,00208523	GAREM1	0,00174629
0,00057383	0,00429606	0,00071551	0,00028734	0,0020436	RPS6KA2	0,00173336
0,00068454	0,00201437	0,0020855	0,00072906	0,00144566	GRB7	0,00173023
0,00046779	0,00240218	0,00072908	0,00019942	0,00124887	ITGA4	0,00172235
0,00018556	0,00216121	0,00098341	0,00042886	0,00135861	TIE1	0,00172096
0,0020349	0,00542938	0,0009868	0,00053393	0,00065471	PDGFC	0,00170033
6,86E-05	0,00495873	0,00088168	6,00E-05	0,00063957	FAT4	0,00169518
0,00025573	0,00231558	0,00080707	0,00032165	0,0007531	HIP1	0,0016881
1,40E-05	0,00018449	0,00230931	2,79E-05	2,27E-05	FGFR3	0,00167913

0,00070013	0,00266574	0,0003052	0,00020585	0,00395852	PLAUR	0,00167624
0,00021519	0,00246619	0,00058665	0,00108931	0,00151756	MEN1	0,00167279
3,74E-05	0,00830974	6,78E-05	0	0,00035195	SKAP1	0,00167253
0,00053328	0,00046312	0,00058665	0,00200492	0,00054496	GHR	0,00167079
0,00114142	0,00325688	0,00107836	0,00077409	0,001264	SMAD7	0,00166789
0,00054264	0,00123874	0,00127165	0,00053608	0,00269452	GLMN	0,00163239
0,00014814	0,01613753	3,05E-05	2,36E-05	0,00084393	MT3	0,00162861
0,00021986	0,00395343	0,00084437	0,00015653	0,00058659	SLIT2	0,00162476
0,00013566	0,00273352	0,00048831	7,29E-05	0,00120345	VAV1	0,00161494
0,00034929	0,00616359	0,00069178	0,00015439	0,00086664	FGF7	0,00160799
0,00020739	0,00153996	0,00081725	0,00020585	0,00235392	ADGRE5	0,00160205
0,00070013	0,00255655	3,05E-05	2,57E-05	0,0020436	AREG	0,00159804
3,12E-05	0,00044429	0,00231609	2,14E-05	0,00162352	F7	0,00158232
0,0003259	0,00207838	0,00127843	0,00085129	0,00155919	MAPK11	0,00157621
0,0001263	0,00167927	0,00194308	0,00032379	0,00132834	ADRB2	0,00157128
0,00042257	0,00065514	0,00075621	0,00040099	0,00267938	FLT3LG	0,00151298
0,00034305	0,00149477	0,00063413	0,00021014	0,00122237	CSF1	0,00150319
0,00024325	0,00044053	0,00252634	0,00036668	0,00173706	GRB14	0,0014999
4,37E-05	0,00349785	0,00469662	6,00E-05	0,0005828	MUC1	0,00149488
0,00102759	0,00131405	0,00093254	0,0018248	0,00074553	GAB2	0,00149205
8,11E-05	0,0005083	0,00123774	6,43E-05	0,00019301	CLDN1	0,00147314
0,00045376	0,00031628	0,00256364	6,22E-05	0,00372767	CBLC	0,00147103
5,93E-05	0,00182987	0,00095628	0,00010507	0,00122616	ELF4	0,00145841
0,00025573	0,0022591	0,00184813	0,00098424	0,00226309	SMAD3	0,00145555
9,67E-05	0,0039572	0,00063074	0,00038598	0,00061308	PGF	0,00145402
0,00020271	0,0008434	0,00255008	0,00042886	0,00108992	ESRP2	0,0014529
0,00023546	0,00246619	0,00076299	0,0003195	0,00077959	FSTL3	0,00144966
0,0001263	0,00266198	0,00084777	0,00042672	0,00197548	FAS	0,00142956
0,00125057	0,00176587	0,0002272	0,0001115	0,00022328	CXCL8	0,00139671
0,00043817	0,00096765	0,00084098	0,00500052	0,00015138	SOX9	0,00139308
0,0001263	0,00022215	0,00437108	0,00274256	0,00037466	PGR	0,00138487
0,00036644	0,00406639	0,00047136	0,00010936	0,00140403	NCKAP1L	0,00137027
0,00060969	0,00233817	0,00036963	0,0004889	0,00106343	HBEGF	0,00136685
0,00039295	0,0024436	0,00209907	0,00120724	0,00171814	PDGFR	0,0013574
0,00021207	0,00374635	0,00019668	0,00012223	0,00025356	SRPX2	0,00135073
4,83E-05	0,00196166	0,00043067	0,00018012	0,00088177	CLDN5	0,00134905
2,18E-05	0,00014308	1,02E-05	1,50E-05	0,00016652	PPBP	0,00134878
0,00020895	0,00191271	0,0013293	0,00012223	0,00217605	CHST11	0,00134587
0,00014658	0,00281635	0,00073586	0,000208	0,00054496	TGFB111	0,00133562
0,00058786	0,00219133	0,00048831	0,00055109	0,00050712	RPS6KA5	0,00133025
0,00043193	0,00096388	0,00136321	0,00238447	0,00040872	SEMA6A	0,00132115
0,00047715	0,00299331	0,00160397	0,00096279	0,00072661	ERBB2	0,00131909
4,05E-05	0,00048194	0,00177692	1,29E-05	0,00130942	GCNT2	0,00131453
4,21E-05	0,00062502	0,00056631	0,00019728	0,00049955	LIMS2	0,00129259
6,24E-05	0,00136299	0,00048153	9,65E-05	0,00071147	WNT5A	0,00129036
0,00038827	0,00210097	0,00082403	0,00031092	0,00141538	LGALS9	0,00128876
0,00027132	0,00094506	0,00134625	0,00069261	0,00087799	ACVR2B	0,00127455
0,00033057	0,00149101	0,0005324	4,72E-05	0,00173706	CORO1A	0,00127424
0,00040386	0,00133664	0,0014039	0,00038812	0,00101423	REPS2	0,00127064
9,82E-05	0,00179975	0,00055613	0,00014152	0,00036331	DLL1	0,00126565

4,21E-05	0,00161526	0,00155989	0,000208	0,00033682	PIGR	0,00126522
0,00162792	0,00207461	0,00062735	0,00119652	0,00057902	GDF11	0,00126196
9,98E-05	0,00285024	0,00010512	1,72E-05	0,00035574	NKD2	0,00124444
0,00030251	0,00178469	0,00047475	0,00028734	0,00122994	TNFRSF1B	0,00123907
0,00097457	0,00112955	0,00148868	0,00094993	0,000632	ZNF703	0,00123721
0,00024325	0,00094129	0,00092915	0,00052107	0,00090827	BCL9L	0,00121197
0,00016373	0,00254902	0,00058326	0,00016082	0,00016273	SNAI2	0,00120593
0,00105721	0,00249255	0,00092576	0,0005468	0,00087042	BTC	0,00120574
0,00021519	0,00116344	0,00107497	0,00063257	0,00066606	MICALL1	0,00120515
0,00014658	0,00124251	0,00150902	0,00010722	0,00038601	CD40	0,00118563
0,00045844	0,00173198	0,00108853	0,00042028	0,00061308	CELSR2	0,0011831
0,00014346	0,00258667	0,00081046	0,00029377	0,00044278	TEK	0,0011747
0,00018868	0,00197672	0,00048492	0,00023802	0,00066985	RASSF2	0,00116993
0,00014346	0,00293307	0,00057648	0,00024016	0,00048819	RGS16	0,00116946
8,73E-05	0,00132534	0,0006443	0,00071834	0,00067363	CREB3L1	0,00116237
0,00043661	0,00141194	0,0011767	0,00031736	0,00078338	USP6NL	0,00116037
9,51E-05	0,00189388	0,00057987	0,00018227	0,00070391	NOTCH1	0,00115077
0,00068922	0,0011032	0,00124113	0,00126299	0,00101423	DUSP15	0,00111476
0,00012786	0,00123121	0,00084098	0,00019728	0,00122994	DOK1	0,00110796
0,00011851	0,0005836	0,00304517	0,0003967	0,00076067	MYORG	0,00110567
0,00030095	0,00073797	0,00099358	6,65E-05	0,00104072	SHB	0,00107289
0,00024325	0,0006815	0,00123435	0,00059826	0,00077581	SLC9A1	0,0010641
0,00029627	0,00141571	0,0009122	0,00053608	0,00115425	RPS6KA4	0,00106073
0,00021051	0,00094506	0,00059005	0,00034952	0,00040115	CBL	0,00103959
0,00024949	0,00057984	0,00107497	0,00122869	0,00136997	BMP8B	0,00103469
0,00026664	0,00059113	0,00053579	0,00018655	0,00074553	ADAP1	0,00102591
6,86E-05	0,00351667	0,00012208	0,00019084	0,00022707	INHBB	0,00098775
0,00087633	0,00120486	0,00016955	0,00051678	0,00020436	SH3GL3	0,00096744
0,00033213	0,00227417	0,00010851	5,15E-05	0,00035195	E2F1	0,00096032
0,00019024	0,00187882	0,00054935	6,65E-05	0,00082879	MERTK	0,0009561
7,17E-05	0,00036146	9,83E-05	0,00034738	0,00020436	LINGO1	0,0009346
7,80E-05	0,00051206	0,00210924	8,79E-05	0,00074932	VAV3	0,00093293
0,00014969	0,00231182	0,00065108	0,00015653	0,00055631	CDKN2B	0,00092782
0,00022922	0,00114838	0,00079351	0,00051678	0,00128671	PRR5	0,00092699
0,00022454	0,00131028	0,0003052	3,43E-05	0,00033303	ANOS1	0,00092166
7,17E-05	0,00117473	0,00059683	0,00023373	0,00052604	FLT4	0,00091199
0,00065803	0,00178469	0,00014921	0,00060255	0,00315244	SOCS1	0,00090893
0,00027288	0,0016002	0,00048831	0,00177548	0,00050333	BCL2	0,0009074
0,00014346	0,00188259	0,00061039	0,00017583	0,0007531	HIC1	0,0008948
0,00062217	0,00189388	0,00047814	0,00014581	0,0005601	C3AR1	0,00089374
0,00022922	0,00033887	0,00100715	0,00016082	0,00055631	DLGAP3	0,00089211
1,09E-05	0,0014383	0,00093932	0,00022301	0,00144944	AMH	0,00087628
0,00045844	0,0018487	0,00046118	0,00033451	0,00046549	BMP4	0,00087588
4,52E-05	0,00091494	0,00074942	7,93E-05	0,00029897	ITGA8	0,00087148
8,58E-05	0,00153243	0,00040354	0,00012651	0,00093854	SELP	0,00085731
0,00021363	0,00048194	0,00112922	0,00068403	0,00087042	DGKQ	0,0008463
0,00010603	0,000497	0,00019668	3,65E-05	0,0003406	ACVR1C	0,00083859
0,00024793	0,00208591	0,00051544	6,00E-05	0,00010596	GAS1	0,00083814
5,15E-05	0,00082834	0,00032215	0,00019299	0,00034438	ITGB4	0,00081194
0,00021051	0,00442031	0,00035606	3,00E-05	0,00091583	KLB	0,00081087

0,0003181	0,00016567	0,00021703	0,00077838	0,00079473	NRTN	0,000794
7,80E-05	0,00163785	0,00039675	0,00013724	0,00057902	NOS3	0,00078998
6,24E-05	0,00058737	5,76E-05	7,08E-05	0,00062822	IL6	0,00078418
0,00010759	0,00126886	0,0004917	0,00013724	0,00068877	FES	0,00078172
0,00039607	0,0011672	0,00038658	0,00019942	0,00074932	IL15	0,00076317
7,48E-05	0,0017734	0,00014243	5,58E-05	0,00045792	ADAMTS12	0,00072709
0,00017464	0,00119733	0,00036963	0,00029806	9,08E-05	EDN1	0,00072665
0,00022298	0,00124627	0,00036624	6,00E-05	5,30E-05	AR	0,00071596
0,00010603	0,00060619	0,00034928	0,00014796	0,00106721	EGFL8	0,0007149
3,27E-05	0,00097518	0,00059344	9,01E-05	0,00028383	ANGPT1	0,00069571
0,00049586	0,00111073	0,00033911	0,00025517	0,00094611	LRP8	0,00068657
1,25E-05	0,00056101	0,001214	4,50E-05	0,00128671	FGFR2	0,00068144
0,0001918	0,00051206	1,02E-05	0	5,68E-05	IGFBP1	0,00068064
9,67E-05	0,00020709	0,0003798	4,07E-05	0,00010596	CXCL1	0,00068056
9,51E-05	0,00183364	6,44E-05	0,00015653	0,00029897	ITGB3	0,00067435
0,00100576	0,00111073	0,00019668	0,00037096	0,00024977	BMP6	0,00067244
0,00022298	0,00159267	0,00035267	0,00052535	0,00033303	AFAP1L2	0,0006637
7,02E-05	0,00097895	0,00046797	0,00018227	0,00026491	TGFB2	0,00065172
0,00011539	0,00054219	0,00048831	0,00010078	0,00072283	TRAF1	0,00065084
4,68E-06	3,01E-05	0	1,29E-05	0,00191114	PROKR2	0,00064676
6,86E-05	0,00060619	0,00037641	0,00012651	0,00076067	CDH3	0,00064664
0,00018556	0,00019202	0,00011191	6,00E-05	0,0004617	PRKCB	0,00064654
9,04E-05	0,00140818	0,00064769	6,22E-05	0,00019301	HGF	0,00064437
0,00049274	0,00089235	9,49E-05	6,22E-05	0,00019301	TMEFF1	0,0006439
3,12E-06	4,89E-05	0,00011191	0	6,06E-05	TMEFF2	0,00063726
2,65E-05	6,02E-05	2,71E-05	1,93E-05	5,30E-05	INHBE	0,00063178
1,56E-05	7,91E-05	0,0001526	4,93E-05	0,00042764	IGF2BP3	0,00062718
2,81E-05	0,00133287	0,00011869	1,29E-05	0,00014381	RUNX2	0,000627
0,00094338	0,00020709	9,83E-05	6,22E-05	9,08E-05	IL1B	0,00061721
4,21E-05	0,00102413	0,0003425	0,00010293	0,00013624	EPHA2	0,00059833
0,00032746	0,00083587	0,00020007	0,00010293	0,00121859	NCF2	0,00059753
0,00011539	0,00061372	0,00069517	0,00021658	0,00033682	FRS3	0,00057674
0,00014814	0,00040287	0,00013903	2,14E-05	0,00041629	STYK1	0,00057493
6,08E-05	0,00056478	0,00046797	0,00010293	7,95E-05	HHEX	0,00057481
0,00074067	0,00048194	0,00036284	0,0012051	0,00031411	ONECUT2	0,00057447
0,00045064	0,00020709	0,00027468	0,00299345	0,00071904	CCKBR	0,00057283
8,11E-05	0,00011296	0,00122417	4,29E-06	0	ONECUT1	0,0005716
4,68E-06	7,15E-05	2,37E-05	0,00014367	5,30E-05	APOA1	0,00056133
7,17E-05	0,00050453	0,00050188	6,86E-05	0,00052604	GRAP2	0,00055942
1,25E-05	0,00071162	0,00059683	0,00093277	0,00048819	FGF9	0,00055391
6,24E-05	0,00061749	0,00035267	0,00012437	0,000632	PTGIR	0,00054326
7,17E-05	0,00029745	0,00032215	9,01E-05	0,00066228	IL17RD	0,00053055
0,00010136	0,00045559	0,00012886	0,00040527	0,00045413	NRG2	0,00051388
4,99E-05	0,00061749	0,00027468	8,15E-05	2,27E-05	NGFR	0,00051264
0,00019491	0,00062502	0,0003798	1,29E-05	0,00141538	IL7	0,00051075
0,00014502	0,00054972	0,00144459	0,00010722	0,00035952	NRG4	0,0005017
4,83E-05	0,00121992	0,00024755	9,65E-05	9,84E-05	SMAD6	0,00049613
2,65E-05	0,00010166	0,00038997	4,72E-05	0,00081365	DAND5	0,00049356
7,48E-05	0,0008434	0,00035267	0,00012223	0,00033682	RHBDF1	0,00049337
5,15E-05	0,00070032	0,00014921	0,00016511	0,00049576	SPHK1	0,0004867

1,25E-05	0,00051959	0,00039336	0,00014367	0,0001703	IL34	0,00048599
1,72E-05	0,00096388	3,05E-05	3,86E-05	0,00063579	LIF	0,0004847
1,25E-05	0,00178846	0,00027129	4,29E-05	0,00018544	IGF1	0,00048402
6,39E-05	0,00022591	2,71E-05	8,58E-06	7,95E-05	NRG1	0,00048289
2,81E-05	0,00087352	0,00028824	0,0001501	0,00018544	PEAR1	0,000482
0,00011539	0,00039534	0,00024077	5,15E-05	0,00076067	ADGRE2	0,00048189
0,00024013	0,00028992	0,00028146	0,00035595	0,00129806	PSPN	0,00048124
4,21E-05	0,0029519	0,00012208	1,50E-05	6,43E-05	LRP4	0,00047717
7,64E-05	0,00103919	0,00042388	6,43E-06	8,33E-05	PTN	0,00047663
7,64E-05	0,00360327	0,00021703	3,00E-05	1,14E-05	ADORA2B	0,00047226
8,26E-05	0,00100154	0,00027129	4,93E-05	0,000439	FZD7	0,00047057
9,98E-05	0,00060619	0,00034589	0,00083628	0,00014759	FZD8	0,00047015
3,90E-05	0,00296696	0	0	0	AHSG	0,00047006
1,87E-05	0,00032757	0,00040354	9,43E-05	0,00094233	TRPV1	0,00046705
0,00031186	0,00061749	0,00095628	7,29E-05	0,00067363	TGFA	0,00046699
0,00083267	0,00128769	6,44E-05	1,93E-05	0,0001703	MMP9	0,0004636
8,73E-05	0,00021838	0,00043067	7,51E-05	0,00079473	GDF1	0,00046055
0,00030718	0,00138558	0,00018312	4,72E-05	0,0005601	FGF2	0,0004546
0,00014658	0,00033134	0,00034928	1,29E-05	0,00010218	CX3CR1	0,00045239
0,00012786	8,66E-05	0,0002272	0,00032165	0,0016046	IGFL4	0,00045199
2,18E-05	3,77E-05	0,00189899	2,14E-06	3,41E-05	EGF	0,00044889
0,00018088	0,00102036	0,00023059	4,72E-05	0,00072661	NCF4	0,00044099
2,18E-05	0,00105048	0,0006443	1,07E-05	8,33E-05	TACSTD2	0,00043523
1,56E-05	0,00055348	0,00017294	0,00033666	0,00011732	FOXC1	0,00042478
5,15E-05	0,00069656	0,0005324	6,43E-06	8,70E-05	ADRA2A	0,00042339
3,27E-05	0,00024474	0,00031198	7,93E-05	0,00107478	IL10	0,00040086
0,00113986	0,0002598	0,00040693	0,00010722	0,00040115	FLRT3	0,00039733
1,56E-05	0,00012049	0,00088507	9,43E-05	0,00013246	VEPH1	0,00039558
9,67E-05	0,00037652	0,00031198	3,65E-05	0,00022328	TYRO3	0,00039492
7,80E-06	0,00060996	0,00015599	3,65E-05	0,00014381	BMP8A	0,00038838
0,00011851	0,00074927	0,00016277	0,00011365	0,00033682	TNFRSF4	0,00038476
9,67E-05	0,00040287	0,00021025	0,00019942	0,00048062	GAB3	0,00038362
6,24E-06	0,00144583	2,03E-05	0	0,00270587	REN	0,00038214
2,65E-05	9,41E-05	0,00013903	0	6,43E-05	MS4A1	0,00037806
5,30E-05	0,00102789	0,00140729	4,29E-05	4,16E-05	EPS8L3	0,00037597
2,49E-05	9,41E-05	0,00027129	8,36E-05	0,00083258	EREG	0,00037118
0,00010292	0,0004217	0,00032893	0,00015225	0,0003898	TEC	0,00037009
4,68E-06	0,00060996	0,00035945	0,00010078	0,00024977	SHISA2	0,00036956
3,12E-06	0,00020332	0,00035606	0,00100997	0,00028762	PRDM16	0,0003687
7,80E-05	0,00037652	0,00039336	9,43E-05	0,00036331	DNMT3B	0,00036584
9,36E-06	0,00022215	1,02E-05	2,57E-05	0,00195656	GATA3	0,00035914
3,27E-05	0,00067773	0,0003052	1,29E-05	0,00010975	P2RY1	0,00035493
2,96E-05	0,00016943	0,00021364	8,36E-05	0,00061308	BMP7	0,00035062
4,83E-05	0,00019955	8,82E-05	2,14E-05	0,00028005	RUNX3	0,00034498
2,65E-05	0,00079822	0,00027468	7,72E-05	0,00076446	LRG1	0,00034475
0,00123809	0,00024474	0,00019668	0,0004503	0,00188844	TGFBR3L	0,00034236
3,90E-05	0,00018073	0,00029502	0,0001501	0,00048819	FGF17	0,00034003
8,73E-05	0,00064008	0,00017973	6,65E-05	0,000632	LILRB1	0,0003325
5,30E-05	0,00021838	0,00034589	0,00012651	0,00048441	TIAF1	0,00032808
0	1,51E-05	9,49E-05	1,07E-05	7,95E-05	IGFALS	0,00032594

2,18E-05	0,00233441	0	0	1,89E-05	CHIA	0,00032159
0	0	0	0	0	NKX2-1	0,00032106
3,43E-05	5,27E-05	0,00027468	6,65E-05	0,00045792	FGF5	0,00032051
1,72E-05	0,00057607	0,00028485	4,29E-05	0,00012867	RHOD	0,0003158
6,08E-05	0,00029368	0,0011394	3,00E-05	0,00026491	KCNC2	0,00031196
0,00485102	0	0	0,00087702	7,19E-05	GHRH	0,00030894
0	3,77E-06	0,00063413	1,93E-05	0,00301241	OPRM1	0,00029947
2,34E-05	0,00039911	0,00078673	3,22E-05	7,57E-05	FGFRL1	0,00029899
1,87E-05	0,00028239	7,46E-05	4,07E-05	0,00014002	GPRC5A	0,00029655
3,43E-05	0,00021085	0,00019329	6,00E-05	0,00027248	EPS8L1	0,00029598
0,00249022	0,00181481	1,70E-05	0,00137664	1,89E-05	NOG	0,00029521
9,36E-06	0,0005836	6,44E-05	0,00099067	1,51E-05	CXCL13	0,00029241
2,65E-05	0,00054595	0,00014921	3,00E-05	0,00017787	FERMT1	0,00029003
0,0003181	0,00018826	2,03E-05	4,93E-05	0,00022328	ARTN	0,00028928
4,21E-05	0,00074927	3,39E-06	0	0,00026113	TWIST1	0,00028775
9,36E-05	0,00028615	3,05E-05	3,86E-05	0,00029519	SHCBP1	0,00028656
0,00014814	0,00036146	0,00012547	5,79E-05	0,0005828	NCF1	0,000282
1,09E-05	8,66E-05	0,00012886	2,14E-05	0,0002195	GFI1	0,00028152
6,39E-05	6,40E-05	0,00015938	0,00010722	0,00017408	WFIKKN1	0,00027449
0,00010136	0,00011672	0,00015599	0,0003967	0,00014002	ERBB4	0,00026856
2,81E-05	6,02E-05	0,00013225	0,00014796	0,00050333	FGF22	0,00026468
0,00010447	2,26E-05	1,70E-05	1,72E-05	0,00027248	APOB	0,00026021
0	7,91E-05	0,00123774	0	1,51E-05	LEFTY1	0,00025586
2,18E-05	0,00080575	0,0001153	0	2,27E-05	RASL11B	0,00025043
6,24E-06	0,00014308	5,76E-05	0,00094349	0,00188087	NTRK3	0,00024817
4,68E-06	0,00069279	0,00027807	3,22E-05	0,00020436	MASP1	0,00023856
5,61E-05	4,89E-05	0,00019668	0,00012223	0,00076824	MSTN	0,00023553
9,36E-06	0,0004104	0,00020007	2,57E-05	0,00031411	CCR2	0,00023533
2,34E-05	0,00011296	0,00010851	2,57E-05	0,00020058	GAREM2	0,00023402
3,12E-06	0,00077563	0,00010512	1,29E-05	9,46E-05	CILP	0,00023372
0	1,51E-05	1,02E-05	0	0,00020436	CNMD	0,00023142
0,0007625	0,00013931	3,39E-06	0,00024016	3,78E-05	BDNF	0,00023051
0,00014969	0,00019579	2,03E-05	6,43E-06	0,00026491	OSM	0,00022534
4,68E-06	6,02E-05	0,00010851	6,43E-06	4,54E-05	MYOCD	0,00022297
5,77E-05	0,00024474	9,83E-05	0,00010078	0,00047306	NRROS	0,00022044
1,56E-05	5,27E-05	1,70E-05	1,72E-05	1,51E-05	FLRT1	0,00022036
9,67E-05	0,00067773	9,49E-05	0,0001887	5,30E-05	GDF9	0,00021192
4,68E-05	0,00065891	6,78E-05	0	4,54E-05	F2	0,0002112
4,68E-06	0,00019202	3,39E-06	0	0	SOX11	0,00021067
5,77E-05	0,00028615	0,00013225	2,14E-05	8,33E-05	GAPT	0,00021002
2,96E-05	5,65E-05	7,46E-05	2,79E-05	0,0004617	IL11	0,00020543
3,27E-05	0,00015814	0,00032554	6,43E-06	0,00048819	SHC3	0,00020437
3,12E-06	0,00010166	0,00016277	3,43E-05	9,46E-05	MST1R	0,00020096
4,83E-05	0,00111826	0,0001526	1,07E-05	0,00033682	ESR1	0,00020075
2,18E-05	0,00010166	3,39E-05	0	0,00041629	SH2D2A	0,00019872
1,40E-05	0,00021085	0,00018312	2,36E-05	8,33E-05	IGF2BP2	0,00019428
0,00241381	0,00010919	0,00011191	0,0001308	9,08E-05	NR1H4	0,00019301
1,87E-05	0,00026733	0,00014921	7,29E-05	0,00035952	PLG	0,00018956
4,68E-06	1,51E-05	7,46E-05	1,50E-05	9,84E-05	ADIPOQ	0,00018743
0,00021363	0,00018826	3,73E-05	0,00066902	5,30E-05	CLCF1	0,00018673

3,27E-05	5,65E-05	0,00011869	6,43E-06	9,84E-05	BMP3	0,00018592
2,96E-05	0,00086223	0,00020346	0	0,00012489	ITGB6	0,00018507
2,81E-05	5,65E-05	0,00022381	6,65E-05	0,00012867	IGF2BP1	0,0001845
1,09E-05	3,77E-05	3,05E-05	8,58E-06	4,16E-05	XCL1	0,00018089
1,56E-06	3,39E-05	0,00028485	0	1,14E-05	FAM83B	0,00017933
2,65E-05	0,00023721	3,39E-05	0	0,00037088	IGFL2	0,00017832
1,25E-05	0,00021838	0,00017294	1,50E-05	5,30E-05	BMPR1B	0,00017689
1,87E-05	0,00010166	3,39E-05	1,50E-05	0,00011732	SCUBE3	0,00016897
3,59E-05	5,27E-05	9,83E-05	0,00134877	0,00010975	CITED1	0,0001683
6,24E-06	3,77E-05	6,10E-05	3,65E-05	0,00040115	PTK6	0,00016078
1,87E-05	0,00023344	5,09E-05	4,50E-05	3,78E-05	BMX	0,00016034
4,68E-06	0,00098648	0,00017973	0	7,57E-06	FGF10	0,00015725
0,00205985	3,39E-05	9,16E-05	0,00018441	0,00015895	NOS1	0,00015368
0,00021519	0,00021462	9,49E-05	0,0001115	9,84E-05	NKX3-1	0,00015008
7,80E-05	0,00111826	4,75E-05	2,14E-06	7,57E-06	LRP2	0,00014843
2,49E-05	0,00060619	0,00018651	1,29E-05	0,00010218	WNT10A	0,00014836
7,80E-06	0,00046688	3,39E-06	2,14E-05	0,0017522	LGR5	0,00014786
4,52E-05	1,13E-05	0,00083759	4,29E-06	1,51E-05	HHIP	0,00014759
4,99E-05	0,000433	0,0001526	4,07E-05	0,00015895	SPRY3	0,00014687
1,87E-05	0,00019202	4,75E-05	2,14E-05	3,78E-05	FZD2	0,00014174
0	3,77E-05	0,00011869	0	1,51E-05	NTF3	0,00014098
9,36E-06	0,00012425	6,78E-05	1,07E-05	0	NGF	0,00013965
1,56E-05	0,00016943	0,00019329	0	1,51E-05	IL12A	0,00013552
0	0	1,02E-05	0	3,41E-05	CSF3	0,00013043
0	0	0	0	0	FGF8	0,00012926
2,65E-05	0,00038781	2,03E-05	1,07E-05	3,41E-05	WNT2	0,00012816
0	2,26E-05	4,07E-05	2,14E-05	0,00015138	KLK2	0,00012622
0	0,00012802	3,39E-06	0	0,00010975	LTK	0,00012589
2,03E-05	3,01E-05	7,80E-05	2,14E-05	0,00011353	HTRA4	0,00012415
4,05E-05	0,00016943	5,09E-05	6,43E-06	3,78E-06	GDF6	0,00012364
0,00150474	2,26E-05	2,03E-05	0,00119652	0	TNMD	0,00012121
0	1,51E-05	1,02E-05	0	0,00012867	IGFL1	0,00011619
0,00024169	8,28E-05	0,00013225	6,43E-05	1,89E-05	GDF7	0,00011184
9,36E-06	0,00051959	3,39E-06	4,29E-06	7,57E-06	FZD10	0,00011085
1,87E-05	0,00013555	2,71E-05	1,07E-05	9,84E-05	CD27	0,00010956
0	0,00012049	0,00010512	0	0,00011353	FLT3	0,00010691
3,12E-06	1,51E-05	4,07E-05	0	0,00024977	HRG	0,00010245
3,12E-06	0,00010543	0,00012208	2,14E-06	3,03E-05	BMP5	0,00010159
9,36E-06	6,02E-05	0,00011191	0	3,78E-06	SLC34A2	0,00010029
1,25E-05	0,00044429	1,36E-05	1,93E-05	0,00014002	MEGF10	9,85E-05
1,40E-05	5,65E-05	6,10E-05	4,50E-05	2,27E-05	CNTF	9,63E-05
3,74E-05	0,00018449	2,71E-05	3,00E-05	7,19E-05	TDGF1	9,13E-05
4,68E-06	6,02E-05	2,37E-05	1,29E-05	0,00020058	TMEM150B	8,92E-05
1,87E-05	7,15E-05	1,70E-05	8,79E-05	7,19E-05	DKK1	8,82E-05
0	2,26E-05	0,00016616	0	0	FOLR1	8,79E-05
9,36E-06	0,00015814	2,37E-05	3,22E-05	0,00012489	FGF18	8,79E-05
2,18E-05	0,00014308	0,00010173	0,00012437	2,27E-05	ALK	8,54E-05
4,68E-06	4,14E-05	1,36E-05	0	3,78E-05	LEP	8,37E-05
1,09E-05	0,00046688	0	0	1,14E-05	SLC30A10	8,27E-05
2,96E-05	3,01E-05	6,78E-05	0	0,00022707	VEGFD	7,91E-05



1,25E-05	0,00031628	1,36E-05	0	0,00011732	NRG3	7,60E-05
6,24E-06	3,01E-05	8,48E-05	8,58E-06	1,89E-05	STAB2	7,19E-05
3,12E-06	2,26E-05	9,83E-05	1,29E-05	0,00019301	MPL	6,84E-05
0	0,00010166	9,49E-05	0	1,51E-05	CXCL17	6,72E-05
0	1,51E-05	7,80E-05	0	7,57E-05	TBX1	6,61E-05
7,80E-06	0	0	0	3,41E-05	IL4	6,48E-05
0	5,27E-05	9,16E-05	0	3,41E-05	ADORA1	6,05E-05
1,40E-05	1,13E-05	3,39E-06	3,00E-05	0	OPRD1	5,66E-05
0	0	1,70E-05	0	0,0001211	NTRK1	5,58E-05
1,09E-05	0,00018073	1,70E-05	0	1,14E-05	FOXC2	5,58E-05
0	3,39E-05	0	0,0001115	0	VTN	5,34E-05
4,68E-06	0	3,39E-06	0	0	NTF4	5,21E-05
1,09E-05	8,66E-05	1,70E-05	1,93E-05	7,19E-05	ADGRE1	5,16E-05
3,59E-05	1,88E-05	0,00014582	6,43E-06	0,00010218	PCSK9	5,14E-05
1,56E-06	0,00011296	3,73E-05	4,29E-06	7,57E-06	RSPO1	5,06E-05
0	7,53E-06	0,00013564	8,58E-06	0	STX19	5,01E-05
0	5,27E-05	0	0	0	NPPA	4,93E-05
0	3,77E-06	2,03E-05	0	7,57E-06	FZD9	4,69E-05
1,40E-05	0,00013931	3,39E-05	2,57E-05	1,14E-05	FGF20	4,43E-05
0	0,00013178	3,73E-05	0	0	TAC1	4,22E-05
4,68E-06	0	0,00010851	0	0	AMHR2	4,19E-05
7,80E-06	2,64E-05	2,03E-05	1,07E-05	0,00011732	ADGRE3	3,90E-05
0	7,53E-06	0	0	0	FGFBP1	3,89E-05
0	5,65E-05	0	0	0	IL2	3,89E-05
1,56E-06	0,00010919	2,37E-05	1,07E-05	9,46E-05	TRIM72	3,79E-05
0	0	0	0	0	CSF2	3,70E-05
0	1,13E-05	2,71E-05	0	0	FCN2	3,65E-05
7,80E-06	4,14E-05	3,39E-05	1,72E-05	0,00010975	FOXP3	3,58E-05
7,80E-06	3,39E-05	0	6,43E-06	1,89E-05	TNFRSF9	3,46E-05
0	0	3,39E-06	0,00072692	0	PAX2	3,37E-05
0	2,64E-05	1,02E-05	4,29E-06	7,57E-05	GDF5	3,28E-05
3,12E-06	1,51E-05	6,78E-06	1,72E-05	6,43E-05	LRIT3	3,15E-05
0,00073911	0	0	0	0	INSL4	3,13E-05
4,68E-06	3,77E-05	6,78E-06	0	1,89E-05	FASLG	3,10E-05
6,24E-06	3,01E-05	3,05E-05	0	7,57E-06	TNFRSF8	3,02E-05
4,37E-05	2,64E-05	3,39E-05	0	0	PDE6G	2,90E-05
0	3,77E-06	0,00011869	1,07E-05	7,57E-06	TRIM71	2,73E-05
1,56E-06	1,88E-05	3,39E-05	1,93E-05	3,03E-05	ENDOU	2,62E-05
0	0	0	0	0	GH2	2,42E-05
0	0,00010166	1,36E-05	2,79E-05	0	GDNF	2,32E-05
0	0	3,39E-06	0	7,57E-06	PRDM14	2,09E-05
0	4,14E-05	6,78E-06	0	6,81E-05	IL13	2,02E-05
0	3,77E-06	3,39E-06	0	0	WFIKKN2	2,00E-05
0	0	0	0	0	APOA2	1,99E-05
0	1,88E-05	0	1,72E-05	0	IGFL3	1,84E-05
0	0	0	0	0,0001211	IL5	1,72E-05
7,80E-06	7,53E-06	3,39E-06	0	3,41E-05	FAM83A	1,58E-05
0	7,53E-06	6,78E-06	0	1,51E-05	EPGN	1,55E-05
1,40E-05	0	1,02E-05	0	0	PDE6H	1,50E-05
0	0	0	0	0	CIDEA	1,49E-05

3,12E-06	0	3,39E-06	0	0	KNG1	1,48E-05
0	4,52E-05	0	0	1,51E-05	THPO	1,44E-05
1,56E-06	6,02E-05	6,78E-06	0	0	FGF19	1,42E-05
0	7,53E-06	1,02E-05	0	1,51E-05	PROK1	1,38E-05
4,68E-06	3,77E-05	0	0	0	HTR3A	1,36E-05
0	0	0	1,29E-05	0	SKOR2	1,33E-05
0	1,13E-05	0	0	0	GHSR	1,25E-05
1,72E-05	1,13E-05	0	0	0	IL1A	1,23E-05
1,40E-05	3,77E-05	0	0	5,30E-05	HGFAC	1,21E-05
0	3,77E-06	3,39E-05	0	0	LEFTY2	1,01E-05
0	3,77E-06	6,78E-06	0	3,78E-06	WNT7A	9,17E-06
0	3,01E-05	0	0	0	IL12B	9,08E-06
6,24E-06	1,51E-05	3,05E-05	4,29E-06	1,51E-05	FOXH1	8,49E-06
3,12E-06	5,27E-05	0	0	0	GDF3	7,60E-06
0	7,53E-06	0	0	0	KLK3	7,25E-06
3,12E-06	9,41E-05	6,78E-06	1,07E-05	0	INHBC	7,00E-06
0	0	0	1,93E-05	0	PROKR1	6,65E-06
0	0	0	1,50E-05	2,27E-05	GH1	6,62E-06
0	0	0	0	0	IL3	5,93E-06
0	6,02E-05	3,39E-06	0	1,14E-05	IRS4	5,75E-06
0	3,01E-05	0	0	0	FGF16	4,33E-06
7,80E-06	2,64E-05	0	1,50E-05	0	FSHB	3,59E-06
0	0	0	0	0	FGF21	3,07E-06
0	0	0	0	0	OTX2	1,95E-06
0	0	0	0	0	APOA5	1,82E-06
0	0	0	0	0	IL17F	1,24E-06
0	0	0	0	0	POU1F1	1,09E-06
0	0	0	0	0	SCGB1A1	7,73E-07
0	0	0	0	0	FGF6	7,30E-07
0	0	0	0	0	FGF3	5,84E-07
0	0	0	0	0	NODAL	5,80E-07
0	0	0	0	0	BMP10	4,90E-07
0	0	0	0	0	CSH2	4,38E-07
0	3,77E-06	0	0	0	FGF23	4,37E-07
0	1,13E-05	0	0	0	CSHL1	4,34E-07
0	0	0	0	0	CAV3	2,92E-07
0	0	0	0	0	PTH	2,01E-07
0	0	0	0	0	WNT1	1,51E-07
0	0	0	0	0	OR2AT4	1,40E-07
0	0	0	0	0	SPINT3	0
0	0	0	0	0	GAB4	0
0	0	0	0	0	CSH1	0
0	0	0	0	0	FGF4	0
0	0	0	0	0	IL9	0
0	0	0	0	0	BMP15	0

Highlight	RANK	SD	EntrezID	UNIPROT_GENE	UniProtKB	Entry.name
no		1	0,33609179	1915	EEF1A1 EEF1A	P68104 EEF1A1_HUMAN
no		2	0,3667319	2778	GNAS GNAS1	Q5JWF2 GNAS1_HUMAN
no		3	0,32343563	1191	CLU APOJ CLI	P10909 CLUS_HUMAN
no		4	0,21312297	7316	UBC	P0CG48 UBC_HUMAN
no		5	0,3339034	3630	INS	P01308 INS_HUMAN
no		6	0,15623579	7314	UBB	P0CG47 UBB_HUMAN
no		7	0,13740723	6187	RPS2 RPS4	P15880 RS2_HUMAN
no		8	0,1104143	10399	RACK1 GNB2L	P63244 RACK1_HUMAN
no		9	0,12367496	6233	RPS27A UBA8	P62979 RS27A_HUMAN
no		10	0,19366015	4734	NEDD4 KIAA0101	P46934 NEDD4_HUMAN
no		11	0,15636043	6678	SPARC ON	P09486 SPRC_HUMAN
no		12	0,28629807	5967	REG1A PSPS	P05451 REG1A_HUMAN
no		13	0,08725275	7184	HSP90B1 GRP	P14625 ENPL_HUMAN
no		14	0,08585932	6188	RPS3 OK/SW-1	P23396 RS3_HUMAN
no		15	0,0820236	3326	HSP90AB1 HS	P08238 HS90B_HUMAN
no		16	0,08733729	10653	SPINT2 HAI2	K043291 SPINT2_HUMAN
no		17	0,05885768	967	CD63 MLA1	T008962 CD63_HUMAN
no		18	0,06469021	3178	HNRNPA1 HNR	P09651 ROA1_HUMAN
no		19	0,08464871	3320	HSP90AA1 HS	P07900 HS90A_HUMAN
no		20	0,10633826	7431	VIM	P08670 VIME_HUMAN
no		21	0,08481362	3485	IGFBP2 BP2	IBP18065 IBP2_HUMAN
no		22	0,05224757	7311	UBA52 UBCEP	P62987 RL40_HUMAN
no		23	0,06852385	3688	ITGB1 FNRB	M05556 ITB1_HUMAN
no		24	0,04916702	351	APP A4 AD1	P05067 A4_HUMAN
no		25	0,0979288	1281	COL3A1	P02461 CO3A1_HUMAN
no		26	0,04328249	5034	P4HB ERBA2L	P07237 PDIA1_HUMAN
no		27	0,13054098	2243	FGA	P02671 FIBA_HUMAN
no		28	0,04588078	55859	BEX1	Q9HBH7 BEX1_HUMAN
no		29	0,0858952	183	AGT SERPINA5	P01019 ANGT_HUMAN
no		30	0,09887648	7494	XBP1 TREB5	X P17861 XBP1_HUMAN
no		31	0,08409318	3486	IGFBP3 IBP3	P17936 IBP3_HUMAN
no		32	0,03727063	3187	HNRNPH1 HNR	P31943 HNRH1_HUMAN
no		33	0,06722268	1278	COL1A2	P08123 CO1A2_HUMAN
no		34	0,14521187	3925	STMN1 C1orf2	P16949 STMN1_HUMAN
no		35	0,0351886	4043	LRPAP1 A2MFP	P30533 AMRP_HUMAN
no		36	0,06041181	2335	FN1 FN	P02751 FINC_HUMAN
no		37	0,04424238	6277	S100A6 CACY	P06703 S10A6_HUMAN
no		38	0,03480539	4179	CD46 MCP	MI P15529 MCP_HUMAN
no		39	0,0462422	8848	TSC22D1 KIAA	Q15714 T22D1_HUMAN
no		40	0,03076491	2821	GPI	P06744 G6PI_HUMAN
no		41	0,0324879	29106	SCG3 UNQ25C	Q8WXD2 SCG3_HUMAN
no		42	0,05586397	7425	VGf	O15240 VGF_HUMAN
no		43	0,06148445	4904	YBX1 NSEP1	Y P67809 YBOX1_HUMAN
no		44	0,16576982	5179	PENK	P01210 PENK_HUMAN
no		45	0,02453178	27018	BEX3 DXS698	Q00994 BEX3_HUMAN
no		46	0,06395032	2537	IFI6 G1P3	P09912 IFI6_HUMAN
no		47	0,02959159	8655	DYNLL1 DLC1	P63167 DYL1_HUMAN
no		48	0,0480858	1277	COL1A1	P02452 CO1A1_HUMAN
no		49	0,030609	54206	ERRFI1 MIG6	Q9UJM3 ERRFI_HUMAN

no	50	0,0326717	387	RHOA ARH12	P61586	RHOA_HUMA
no	51	0,03151657	6421	SFPQ PSF	P23246	SFPQ_HUMAN
no	52	0,02866523	10159	ATP6AP2	ATP1O75787	RENH_HUMAN
no	53	0,02468477	3192	HNRNPU	C1or Q00839	HNRPU_HUM
no	54	0,02279073	4691	NCL	P19338	NUCL_HUMAN
no	55	0,09234166	23089	PEG10	EDR KI Q86TG7	PEG10_HUMAN
no	56	0,0184866	3309	HSPA5	GRP78 P11021	BIP_HUMAN
no	57	0,07514082	1490	CCN2	CTGF HCP29279	CCN2_HUMAN
no	58	0,05967658	2353	FOS	G0S7 P01100	FOS_HUMAN
no	59	0,03604213	2	A2M	CPAMD5 P01023	A2MG_HUMAN
no	60	0,02820209	998	CDC42	P60953	CDC42_HUMAN
no	61	0,03413589	10631	POSTN	OSF2 Q15063	POSTN_HUMAN
no	62	0,03707354	7422	VEGFA	VEGF P15692	VEGFA_HUMAN
no	63	0,01958268	7763	ZFAND5	ZA20 O76080	ZFAN5_HUMAN
no	64	0,04185632	3304	HSPA1A	HSP7 P0DMV8	HS71A_HUMAN
no	65	0,03908845	1282	COL4A1	P02462	CO4A1_HUMAN
no	66	0,0535245	3303	HSPA1A	HSP7 P0DMV8	HS71A_HUMAN
no	67	0,02408693	54361	WNT4	UNQ42 P56705	WNT4_HUMAN
no	68	0,01768205	10094	ARPC3	ARC21 O15145	ARPC3_HUMAN
no	69	0,04604089	1843	DUSP1	CL100 P28562	DUS1_HUMAN
no	70	0,01855907	9500	MAGED1	NRA Q9Y5V3	MAGD1_HUMAN
no	71	0,05135713	7057	THBS1	TSP TSP07996	TSP1_HUMAN
no	72	0,02009904	3856	KRT8	CYK8 P05787	K2C8_HUMAN
no	73	0,02162016	1499	CTNNA1	CTNNA35222	CTNNA1_HUMAN
no	74	0,02344189	3315	HSPB1	HSP27 P04792	HSPB1_HUMAN
no	75	0,01636944	8878	SQSTM1	ORC Q13501	SQSTM1_HUMAN
no	76	0,02549699	302	ANXA2	ANX2 P07355	ANXA2_HUMAN
no	77	0,02040113	5879	RAC1	TC25 MIP63000	RAC1_HUMAN
yes	78	0,03701564	2260	FGFR1	BFGFR P11362	FGFR1_HUMAN
no	79	0,01626206	27020	NPTN	SDFR1 S Q9Y639	NPTN_HUMAN
no	80	0,01644292	3895	KTN1	CG1 KIA Q86UP2	KTN1_HUMAN
no	81	0,01822202	10130	PDIA6	ERP5 P Q15084	PDIA6_HUMAN
no	82	0,09320077	796	CALCA	CALC1 P01258	CALC_HUMAN
no	83	0,02334958	388	RHOB	ARH6 A P62745	RHOB_HUMAN
no	84	0,01599952	5589	PRKCSH	G19P P14314	GLU2B_HUMAN
no	85	0,03039348	3726	JUNB	P17275	JUNB_HUMAN
no	86	0,02351032	10370	CITED2	MRG1 Q99967	CITE2_HUMAN
no	87	0,01514999	5747	PTK2	FAK FAK Q05397	FAK1_HUMAN
no	88	0,01702062	3572	IL6ST	P40189	IL6RB_HUMAN
no	89	0,01489742	334	APLP2	APPL2 Q06481	APLP2_HUMAN
no	90	0,01406668	29937	NENF	CIR2 SPI Q9UMX5	NENF_HUMAN
no	91	0,02825947	1284	COL4A2	P08572	CO4A2_HUMAN
no	92	0,02202609	4131	MAP1B	P46821	MAP1B_HUMAN
no	93	0,01571927	309	ANXA6	ANX6 P08133	ANXA6_HUMAN
no	94	0,01743886	6774	STAT3	APRF P40763	STAT3_HUMAN
no	95	0,01800058	1173	AP2M1	CLAPN Q96CW1	AP2M1_HUMAN
no	96	0,01593405	7533	YWHAH	YWH Q04917	1433F_HUMAN
no	97	0,01237314	7415	VCP	P55072	TERA_HUMAN
no	98	0,01535112	10787	NCKAP1	HEM Q9Y2A7	NCKP1_HUMAN
no	99	0,01251525	780	DDR1	CAK EDI Q08345	DDR1_HUMAN

no	100	0,02698464	3956	LGALS1	P09382	LEG1_HUMAN
no	101	0,03299959	2950	GSTP1	FAEES3 P09211	GSTP1_HUMA
no	102	0,01296708	3091	HIF1A	BHLHE7 Q16665	HIF1A_HUMA
no	103	0,02833515	960	CD44	LHR MD P16070	CD44_HUMAN
no	104	0,01014375	2734	GLG1	CFR1 ES Q92896	GSLG1_HUMA
no	105	0,01605777	2130	EWSR1	EWS Q01844	EWS_HUMAN
no	106	0,01385681	378	ARF4	ARF2 P18085	ARF4_HUMAN
no	107	0,01888005	255743	NPNT	EGFL6L Q6UXI9	NPNT_HUMAN
no	108	0,012545	5501	PPP1CC	P36873	PPP1CC_HUMAN
no	109	0,01108586	3912	LAMB1	P07942	LAMB1_HUMAN
no	110	0,02164444	4192	MDK	MK1 NE P21741	MDK_HUMAN
no	111	0,01367321	2280	FKBP1A	FKBP1 P62942	FKBP1A_HUMAN
no	112	0,01620536	10155	TRIM28	KAP1 Q13263	TIF1B_HUMAN
no	113	0,0136203	56271	BEX4	BEXL1 N Q9NWD9	BEX4_HUMAN
no	114	0,01446782	8826	IQGAP1	KIAAC P46940	IQGAP1_HUMAN
no	115	0,01407289	4670	HNRNPM	HNF P52272	HNRNPM_HUMAN
no	116	0,01477286	9611	NCOR1	KIAA1 Q75376	NCOR1_HUMAN
no	117	0,01216193	6923	ELOB	TCEB2 Q15370	ELOB_HUMAN
no	118	0,01603183	4087	SMAD2	MAD P15796	SMAD2_HUMAN
no	119	0,02888855	5054	SERPINE1	PAI P05121	PAI1_HUMAN
no	120	0,01166113	10016	PDCD6	ALG2 O75340	PDCD6_HUMAN
no	121	0,01362327	7072	TIA1	P31483	TIA1_HUMAN
no	122	0,01304397	55845	BRK1	C3orf10 Q8WUW1	BRK1_HUMAN
no	123	0,01576841	7532	YWHAG	P61981	YWHAG_HUMAN
no	124	0,01600485	3487	IGFBP4	IBP4 P22692	IGFBP4_HUMAN
no	125	0,01454645	5654	HTRA1	HTRA F Q92743	HTRA1_HUMAN
no	126	0,02115313	4212	MEIS2	MRG1 O14770	MEIS2_HUMAN
no	127	0,01154049	6386	SDCBP	MDA9 O00560	SDCBP_HUMAN
no	128	0,01597728	5725	PTBP1	PTB P26599	PTBP1_HUMAN
no	129	0,01006175	10000	AKT3	PKBG Q9Y243	AKT3_HUMAN
no	130	0,0193213	10907	TXNL4A	DIM1 P83876	TXNL4A_HUMAN
no	131	0,0252644	3164	NR4A1	GFRP1 P22736	NR4A1_HUMAN
no	132	0,01143548	51510	CHMP5	C9orf1 Q9NZZ3	CHMP5_HUMAN
no	133	0,01076443	163	AP2B1	ADTB2 P63010	AP2B1_HUMAN
no	134	0,00939769	5728	PTEN	MMAC1 P60484	PTEN_HUMAN
no	135	0,04047376	7018	TRFE	PRO1400 P02787	TRFE_HUMAN
no	136	0,05491238	2266	FIBG	PRO2061 P02679	FIBG_HUMAN
no	137	0,01383847	9289	ADGRG1	GPR5 Q9Y653	ADGRG1_HUMAN
no	138	0,01494264	4898	NRDC	NRD1 O43847	NRDC_HUMAN
no	139	0,00913336	51652	CHMP3	CGI14 Q9Y3E7	CHMP3_HUMAN
no	140	0,01341971	9208	LRRF1	GCF2 Q32MZ4	LRRF1_HUMAN
no	141	0,01745827	3488	IGFBP5	IBP5 P24593	IGFBP5_HUMAN
no	142	0,02170094	348	APOE	P02649	APOE_HUMAN
no	143	0,01091966	23365	ARHGEF12	KIA Q9NZN5	ARHGEF12_HUMAN
no	144	0,01243157	3672	ITGA1	P56199	ITGA1_HUMAN
no	145	0,01274814	1785	DNM2	DYN2 P50570	DNM2_HUMAN
no	146	0,00952459	7750	ZMYM2	FIM R Q9UBW7	ZMYM2_HUMAN
no	147	0,00940717	3643	INSR	P06213	INSR_HUMAN
no	148	0,01662586	3068	HDGF	HMG1L P51858	HDGF_HUMAN
no	149	0,00886756	6311	ATXN2	ATX2 S Q99700	ATXN2_HUMAN

no	150	0,00794979	11171 STRAP MAWD Q9Y3F4	STRAP_HUMA
no	151	0,01114118	6383 SDC2 HSPG1 P34741	SDC2_HUMAN
no	152	0,01542446	1460 CSNK2B CK2N P67870	CSK2B_HUMA
no	153	0,01644358	8837 CFLAR CASH C O15519	CFLAR_HUMA
no	154	0,01073065	4089 SMAD4 DPC4 Q13485	SMAD4_HUM
no	155	0,01082236	8239 USP9X DFFRX Q93008	USP9X_HUMA
no	156	0,01960723	92737 DNER BET UN Q8NFT8	DNER_HUMAI
no	157	0,00908783	5641 LGMN PRSC1 Q99538	LGMN_HUMA
no	158	0,01074102	5300 PIN1 Q13526	PIN1_HUMAN
no	159	0,01368901	3185 HNRNPF HNRI P52597	HNRPF_HUM/
no	160	0,00775488	8895 CPNE3 CPN3 K O75131	CPNE3_HUM/
no	161	0,00779813	5781 PTPN11 PTP2 Q06124	PTN11_HUM/
no	162	0,00911511	23350 U2SURP KIAA C O15042	SR140_HUMA
no	163	0,00861314	2060 EPS15 AF1P P42566	EPS15_HUMA
no	164	0,01319845	11168 PSIP1 DFS70 L O75475	PSIP1_HUMAI
no	165	0,01158452	11333 PDAP1 HASPP Q13442	HAP28_HUM/
no	166	0,01384778	7423 VEGFB VRF P49765	VEGFB_HUM/
no	167	0,00779239	7158 TP53BP1 Q12888	TP53B_HUMA
no	168	0,01096408	8829 NRP1 NRP VEC O14786	NRP1_HUMAI
no	169	0,00685918	8678 BECN1 GT197 Q14457	BECN1_HUM/
no	170	0,01800527	718 C3 CPAMD1 P01024	CO3_HUMAN
no	171	0,00775359	3685 ITGAV MSK8 \ P06756	ITAV_HUMAN
no	172	0,01670634	301 ANXA1 ANX1 P04083	ANXA1_HUM/
no	173	0,0076166	4193 MDM2 Q00987	MDM2_HUM/
no	174	0,01102496	5440 POLR2K P53803	RPAB4_HUM/
no	175	0,01049013	2017 CTTN EMS1 Q14247	SRC8_HUMAN
no	176	0,00844419	9141 PDCD5 TFAR1 O14737	PDCD5_HUM/
no	177	0,01243702	5364 PLXNB1 KIAA C O43157	PLXB1_HUMA
no	178	0,01093089	7175 TPR P12270	TPR_HUMAN
no	179	0,01508075	3725 JUN P05412	JUN_HUMAN
no	180	0,00712666	5431 POLR2B P30876	RPB2_HUMAN
no	181	0,00627211	375056 MIA3 KIAA02 C Q5JRA6	TGO1_HUMAI
no	182	0,01036104	6093 ROCK1 Q13464	ROCK1_HUM/
no	183	0,00999367	207 AKT1 PKB RAC P31749	AKT1_HUMAN
no	184	0,00711891	6643 SNX2 TRG9 O60749	SNX2_HUMAN
no	185	0,00793617	57498 KIDINS220 AR Q9ULH0	KDIS_HUMAN
no	186	0,0096392	9148 NEURL1 NEUR O76050	NEUL1_HUM/
no	187	0,00565973	8725 URI1 C19orf2 O94763	RMP_HUMAN
no	188	0,01737989	2887 GRB10 GRBIR Q13322	GRB10_HUM/
no	189	0,01151329	7917 BAG6 BAT3 G P46379	BAG6_HUMAI
no	190	0,00883688	2962 GTF2F1 RAP7 P35269	T2FA_HUMAN
no	191	0,01705195	10252 SPRY1 O43609	SPY1_HUMAN
no	192	0,0080605	5536 PPP5C PPP5 P53041	PPP5_HUMAN
no	193	0,01022018	5045 FURIN FUR PA P09958	FURIN_HUMA
no	194	0,01397024	25932 CLIC4 Q9Y696	CLIC4_HUMAI
no	195	0,00662111	5494 PPM1A PPPM P35813	PPM1A_HUM.
yes	196	0,01014621	7046 TGFBR1 ALK5 P36897	TGFR1_HUMA
no	197	0,00921507	208 AKT2 P31751	AKT2_HUMAN
no	198	0,00859318	3915 LAMC1 LAMB P11047	LAMC1_HUM,
no	199	0,0057636	4090 SMAD5 MADF Q99717	SMAD5_HUM

no	200	0,00801703	26058 GIGYF2 KIAA0 Q6Y7W6	GGYF2_HUM/
no	201	0,00903791	3065 HDAC1 RPD3L Q13547	HDAC1_HUM/
no	202	0,01070561	7249 TSC2 TSC4 P49815	TSC2_HUMAN
no	203	0,00911408	6642 SNX1 Q13596	SNX1_HUMAN
no	204	0,0236601	1958 EGR1 KROX24 P18146	EGR1_HUMAN
no	205	0,0058128	9321 TRIP11 CEV14 Q15643	TRIPB_HUMA
no	206	0,00850644	23122 CLASP2 KIAA0 O75122	CLAP2_HUMA
no	207	0,01641008	9365 KL Q9UEF7	KLOT_HUMAN
no	208	0,0075095	51293 CD320 8D6A L Q9NPF0	CD320_HUMA
no	209	0,01021583	142 PARP1 ADPRT P09874	PARP1_HUMA
no	210	0,01027892	3670 ISL1 P61371	ISL1_HUMAN
no	211	0,00739063	7430 EZR VIL2 P15311	EZRI_HUMAN
yes	212	0,01073262	2321 FLT1 FLT FRT \ P17948	VGFR1_HUM/
no	213	0,00967956	28996 HIPK2 Q9H2X6	HIPK2_HUMA
no	214	0,01083822	4054 LTBP3 Q9NS15	LTBP3_HUMA
no	215	0,00698153	1612 DAPK1 DAPK P53355	DAPK1_HUM/
no	216	0,00587503	7073 TIAL1 Q01085	TIAR_HUMAN
no	217	0,00860757	23527 ACAP2 CENTB Q15057	ACAP2_HUM/
no	218	0,00614877	124446 TMEM219 Q86XT9	TM219_HUM/
no	219	0,00818802	5594 MAPK1 ERK2 IP28482	MK01_HUMA
no	220	0,01060222	9026 HIP1R HIP12 K O75146	HIP1R_HUMA
no	221	0,00629017	6197 RPS6KA3 ISPK P51812	KS6A3_HUMA
no	222	0,0055514	90410 IFT20 Q8IY31	IFT20_HUMA
no	223	0,00539048	83737 ITCH Q96J02	ITCH_HUMAN
no	224	0,00663221	9698 PUM1 KIAA00 Q14671	PUM1_HUMA
no	225	0,00595393	1845 DUSP3 VHR P51452	DUS3_HUMA
no	226	0,00907705	65009 NDRG4 BDM1 Q9ULP0	NDRG4_HUM.
no	227	0,00585587	6692 SPINT1 HAI1 L O43278	SPIT1_HUMA
no	228	0,00763665	22938 SNW1 SKIIP S Q13573	SNW1_HUMA
no	229	0,00725691	1386 ATF2 CREB2 C P15336	ATF2_HUMAN
no	230	0,00778067	10014 HDAC5 KIAA0 Q9UQL6	HDAC5_HUM/
no	231	0,01281703	54829 ASPN PLAP1 S Q9BXN1	ASPN_HUMA
no	232	0,0078104	84313 VPS25 DERP9 Q9BRG1	VPS25_HUMA
no	233	0,00623796	102 ADAM10 KUZ O14672	ADA10_HUM/
no	234	0,00813086	5430 POLR2A POLR P24928	RPB1_HUMAN
no	235	0,00637632	819 CAMLG CAML P49069	CAMLG_HUM
no	236	0,01320405	4313 MMP2 CLG4A P08253	MMP2_HUM/
no	237	0,00820598	5434 POLR2E P19388	RPAB1_HUM/
no	238	0,005974	55198 APPL2 DIP13B Q8NEU8	DP13B_HUM/
yes	239	0,00909763	7048 TGFB2 P37173	TGFR2_HUMA
no	240	0,00715245	3611 ILK ILK1 ILK2 Q13418	ILK_HUMAN
no	241	0,00851107	58533 SNX6 Q9UNH7	SNX6_HUMAN
no	242	0,00546218	8804 CREG1 CREG L O75629	CREG1_HUM/
no	243	0,00679737	10616 RBCK1 C20orf Q9BYM8	HOIL1_HUMA
no	244	0,00814198	23126 POGZ KIAA04 Q7Z3K3	POGZ_HUMA
no	245	0,00558256	55914 ERBIN ERBB2I Q96RT1	ERBIN_HUMA
no	246	0,01603618	2202 EFEMP1 FBLN Q12805	FBLN3_HUMA
no	247	0,00528416	5432 POLR2C A-152 P19387	RPB3_HUMAN
no	248	0,00702344	23543 RFOX2 FOX2 O43251	RFOX2_HUM/
no	249	0,00655524	340542 BEX5 NADE2 P Q5H9J7	BEX5_HUMAN

no	250	0,01205157	3339	HSPG2	P98160	PGBM_HUMA
no	251	0,00778093	6772	STAT1	P42224	STAT1_HUMA
no	252	0,01425878	2153	F5	P12259	FA5_HUMAN
no	253	0,00594093	2339	FNTA	P49354	FNTA_HUMAN
no	254	0,00967456	5295	PIK3R1 GRB1	P27986	P85A_HUMAN
no	255	0,00661847	5438	POLR2I	P36954	RPB9_HUMAN
no	256	0,00683591	2885	GRB2 ASH	P62993	GRB2_HUMAN
no	257	0,00627242	9958	USP15 KIAA05	Q9Y4E8	UBP15_HUMAN
no	258	0,00759539	4739	NEDD9 CASL	Q14511	CASL_HUMAN
no	259	0,00960405	6272	SORT1	Q99523	SORT_HUMAN
no	260	0,01102431	23213	SULF1 KIAA10	Q8IWU6	SULF1_HUMAN
no	261	0,01045653	27122	DKK3 REIC UN	Q9UBP4	DKK3_HUMAN
no	262	0,00527964	8036	SHOC2 KIAA08	Q9UQ13	SHOC2_HUMAN
no	263	0,00644633	6777	STAT5B	P51692	STA5B_HUMAN
no	264	0,00680858	7082	TJP1 ZO1	Q07157	ZO1_HUMAN
no	265	0,00608803	57669	EPB41L5 KIAA	Q9HCM4	E41L5_HUMAN
no	266	0,00581773	10273	STUB1 CHIP P	Q9UNE7	CHIP_HUMAN
yes	267	0,00507995	26020	LRP9/10	NA	NA
no	268	0,00516436	3066	HDAC2	Q92769	HDAC2_HUMAN
no	269	0,02447581	10551	AGR2 AG2 UN	Q95994	AGR2_HUMAN
no	270	0,00527929	51552	RAB14	P61106	RAB14_HUMAN
no	271	0,00666081	382	ARF6	P62330	ARF6_HUMAN
no	272	0,00791933	10013	HDAC6 KIAA09	Q9UBN7	HDAC6_HUMAN
no	273	0,01055041	3655	ITGA6	P23229	ITA6_HUMAN
no	274	0,00836908	8874	ARHGEF7 COC	Q14155	ARHG7_HUMAN
yes	275	0,00778616	4035	LRP1 A2MR A	Q07954	LRP1_HUMAN
no	276	0,00721454	3340	NDST1 HSST F	P52848	NDST1_HUMAN
no	277	0,00504566	9135	RABEP1 RAB5	Q15276	RABE1_HUMAN
no	278	0,00855123	8425	LTBP4	Q8N2S1	LTBP4_HUMAN
no	279	0,00656171	5829	PXN	P49023	PAXI_HUMAN
yes	280	0,01015637	5159	PDGFRB PDGF	P09619	PGFRB_HUMAN
no	281	0,01218149	9844	ELMO1 KIAA0	Q92556	ELMO1_HUMAN
no	282	0,01026122	28984	RGCC C13orf1	Q9H4X1	RGCC_HUMAN
no	283	0,01017777	6446	SGK1 SGK	Q00141	SGK1_HUMAN
no	284	0,0062275	23189	KANK1 ANKRC	Q14678	KANK1_HUMAN
no	285	0,00564766	26036	ZNF451 COAS	Q9Y4E5	ZN451_HUMAN
no	286	0,00551846	9693	RAPGEF2 KIAA	Q9Y4G8	RPGF2_HUMAN
no	287	0,00537183	1027	CDKN1B KIP1	P46527	CDN1B_HUMAN
no	288	0,00972219	50848	F11R JAM1 JC	Q9Y624	JAM1_HUMAN
no	289	0,00567227	6921	ELOC TCEB1	Q15369	ELOC_HUMAN
no	290	0,00706552	55023	PHIP DCAF14	Q8WWQ0	PHIP_HUMAN
no	291	0,00557268	8454	CUL1	Q13616	CUL1_HUMAN
no	292	0,00658464	6498	SKIL SNO	P12757	SKIL_HUMAN
no	293	0,00724427	5782	PTPN12	Q05209	PTN12_HUMAN
no	294	0,00750026	23095	KIF1B KIAA059	Q060333	KIF1B_HUMAN
no	295	0,00413623	9101	USP8 KIAA005	P40818	UBP8_HUMAN
no	296	0,00410877	6653	SORL1 C11orf	Q92673	SORL1_HUMAN
no	297	0,01738856	2192	FBLN1 PP213	P23142	FBLN1_HUMAN
no	298	0,0076965	9315	NREP C5orf13	Q16612	NREP_HUMAN
no	299	0,00562437	2530	FUT8	Q9BYC5	FUT8_HUMAN



no	300	0,00844985	80781 COL18A1	P39060	COIA1_HUMA
no	301	0,0082915	3913 LAMB2 LAMS	P55268	LAMB2_HUM
no	302	0,00707771	9378 NRXN1	P58400	NRX1B_HUM
no	303	0,00445078	8754 ADAM9 KIAAC	Q13443	ADAM9_HUM
no	304	0,00519585	27131 SNX5	Q9Y5X3	SNX5_HUMAN
no	305	0,00678854	2534 FYN	P06241	FYN_HUMAN
no	306	0,00465665	10970 CKAP4	Q07065	CKAP4_HUMAN
no	307	0,00437608	10987 COPS5 CSN5 J	Q92905	CSN5_HUMAN
no	308	0,00735481	200081 TXLNA TXLN	P40222	TXLNA_HUMAN
no	309	0,00450098	2908 NR3C1 GRL	P04150	GCR_HUMAN
no	310	0,0048837	59338 PLEKHA1 TAPI	Q9HB21	PKHA1_HUMAN
no	311	0,00698241	2621 GAS6 AXLLG	Q14393	GAS6_HUMAN
no	312	0,00829678	51232 CRIM1 S52 UN	Q9NZV1	CRIM1_HUMAN
no	313	0,006395	3693 ITGB5	P18084	ITB5_HUMAN
no	314	0,00663056	5435 POLR2F POLRI	P61218	RPAB2_HUMAN
no	315	0,00421637	23064 SETX ALS4 KIA	Q7Z333	SETX_HUMAN
no	316	0,00669226	4641 MYO1C	Q00159	MYO1C_HUMAN
no	317	0,00480261	253260 RICTOR KIAA1	Q6R327	RICTR_HUMAN
no	318	0,0133127	4176 MCM7 CDC47	P33993	MCM7_HUMAN
no	319	0,00547641	51162 EGFL7 MEGF7	Q9UHF1	EGFL7_HUMAN
no	320	0,0061265	26060 APPL1 APPL D	Q9UKG1	DP13A_HUMAN
no	321	0,00590156	29924 EPN1	Q9Y6I3	EPN1_HUMAN
no	322	0,0065255	9564 BCAR1 CAS CA	P56945	BCAR1_HUMAN
no	323	0,00607968	1399 CRKL	P46109	CRKL_HUMAN
no	324	0,00543606	5359 PLSR1	O15162	PLS1_HUMAN
no	325	0,00440279	26003 GORASP2 GOI	Q9H8Y8	GORS2_HUMAN
no	326	0,00505177	196 AHR BHLHE76	P35869	AHR_HUMAN
no	327	0,0058188	5439 POLR2J POLR2	P52435	RPB11_HUMAN
no	328	0,00570569	9678 PHF14 KIAA07	O94880	PHF14_HUMAN
no	329	0,00586093	51593 SRRT ARS2 AS	Q9BXP5	SRRT_HUMAN
no	330	0,01171199	948 CD36 GP3B GIP	16671	CD36_HUMAN
no	331	0,0052268	57447 NDRG2 KIAA1	Q9UN36	NDRG2_HUMAN
no	332	0,00625405	5894 RAF1 RAF	P04049	RAF1_HUMAN
no	333	0,00457454	22933 SIRT2 SIR2L SI	Q8IXJ6	SIRT2_HUMAN
no	334	0,00453254	5151 PDE8A	O60658	PDE8A_HUMAN
no	335	0,00817174	83700 JAM3 UNQ85	Q9BX67	JAM3_HUMAN
no	336	0,00548026	9146 HGS HRS	O14964	HGS_HUMAN
no	337	0,02682097	2692 GHRHR	Q02643	GHRHR_HUMAN
no	338	0,01135272	6347 CCL2 MCP1 SC	P13500	CCL2_HUMAN
no	339	0,00506349	5663 PSEN1 AD3 PS	P49768	PSN1_HUMAN
no	340	0,00356866	10193 RNF41 FLRF N	Q9H4P4	RNF41_HUMAN
no	341	0,00397281	10492 SYNCRIP HNRI	O60506	HNRPQ_HUMAN
no	342	0,00645535	1387 CREBBP CBP	Q92793	CBP_HUMAN
no	343	0,00451514	6095 RORA NR1F1	P35398	RORA_HUMAN
no	344	0,00539475	7251 TSG101	Q99816	TS101_HUMAN
no	345	0,004015	8841 HDAC3	O15379	HDAC3_HUMAN
no	346	0,00536154	9475 ROCK2 KIAA0	O75116	ROCK2_HUMAN
no	347	0,00690353	9158 FIBP	O43427	FIBP_HUMAN
no	348	0,0048923	152137 CCDC50 C3orf	Q8IVM0	CCD50_HUMAN
no	349	0,00662503	5581 PRKCE PKCE	Q02156	KPCE_HUMAN

no	350	0,00542738	2932	GSK3B	P49841	GSK3B_HUMA
no	351	0,00431682	5872	RAB13 GIG4	P51153	RAB13_HUMA
no	352	0,00503195	8924	HERC2	O95714	HERC2_HUMA
no	353	0,00574595	9863	MAGI2 ACVR1I	Q86UL8	MAGI2_HUMA
no	354	0,00377742	51474	LIMA1 EPLIN	Q9UHB6	LIMA1_HUMA
no	355	0,00735908	79719	AAGAB	Q6PD74	AAGAB_HUMA
no	356	0,0104908	7429	VIL1 VIL	P09327	VILI_HUMAN
no	357	0,0091228	5436	POLR2G RPB7	P62487	RPB7_HUMAN
no	358	0,00792096	3987	LIMS1 PINCH	P48059	LIMS1_HUMA
no	359	0,00374022	5921	RASA1 GAP R	P20936	RASA1_HUMA
no	360	0,00685151	5437	POLR2H	P52434	RPAB3_HUMA
no	361	0,00715942	92154	MTSS2 MTSS1	Q765P7	MTSS2_HUMA
no	362	0,0059418	64283	ARGHEF28 KIA	Q8N1W1	ARG28_HUMA
no	363	0,00446883	10755	GIPC1 C19orf	O14908	GIPC1_HUMA
no	364	0,00550968	5362	PLXNA2 KIAA	O75051	PLXA2_HUMA
no	365	0,00502762	22916	NCBP2 CBP20	P52298	NCBP2_HUMA
no	366	0,00791707	55959	SULF2 KIAA12	Q8IWU5	SULF2_HUMA
no	367	0,00809775	857	CAV1 CAV	Q03135	CAV1_HUMA
no	368	0,00814617	2022	ENG END	P17813	EGLN_HUMA
no	369	0,005496	9270	ITGB1BP1 ICA	O14713	ITBP1_HUMA
no	370	0,0074531	2200	FBN1 FBN	P35555	FBN1_HUMA
no	371	0,00426046	8723	SNX4	O95219	SNX4_HUMA
no	372	0,00610877	613	BCR BCR1 D2	P11274	BCR_HUMAN
no	373	0,0058198	10174	SORBS3 SCAM	O60504	VINEX_HUMA
no	374	0,00458181	26999	CYFIP2 KIAA1	Q96F07	CYFP2_HUMA
no	375	0,00532634	4297	KMT2A ALL1	Q03164	KMT2A_HUMA
no	376	0,00822193	84251	SGIP1	Q9BQI5	SGIP1_HUMA
yes	377	0,00675262	3480	IGF1R	P08069	IGF1R_HUMA
no	378	0,00452554	25759	SHC2 SCK SHC	P98077	SHC2_HUMAN
no	379	0,01268581	9021	SOCS3 CIS3	SSO14543	SOCS3_HUMA
no	380	0,00914365	2805	GOT1	P17174	AATC_HUMA
no	381	0,00683725	64787	EPS8L2 EPS8R	Q9H6S3	ES8L2_HUMA
no	382	0,00666707	25942	SIN3A	Q96ST3	SIN3A_HUMA
no	383	0,01895194	6091	ROBO1 DUTT1	Q9Y6N7	ROBO1_HUMA
no	384	0,00549623	5906	RAP1A KREV1	P62834	RAP1A_HUMA
no	385	0,00495575	51592	TRIM33 KIAA1	Q9UPN9	TRI33_HUMA
no	386	0,0039595	3675	ITGA3 MSK18	P26006	ITA3_HUMAN
no	387	0,00465848	5286	PIK3C2A	O00443	P3C2A_HUMA
no	388	0,00395476	1999	ELF3 ERT ESX	P78545	ELF3_HUMAN
no	389	0,00398818	324	APC DP2.5	P25054	APC_HUMAN
no	390	0,00772803	3977	LIFR	P42702	LIFR_HUMAN
no	391	0,00363353	5771	PTPN2 PTPT	P17706	PTN2_HUMA
no	392	0,00855781	678	ZFP36L2 BRF2	P47974	TISD_HUMAN
no	393	0,00521861	10204	NUTF2 NTF2	P61970	NTF2_HUMAN
no	394	0,00448819	9368	SLC9A3R1 NH	O14745	NHRF1_HUMA
no	395	0,00479654	2889	RAPGEF1 GRF	Q13905	RPGF1_HUMA
no	396	0,00577882	6936	GCFC2 C2orf3	P16383	GCFC2_HUMA
no	397	0,00582139	201163	FLCN BHD	Q8NFG4	FLCN_HUMAN
no	398	0,00553939	10163	WASF2 WAVE	Q9Y6W5	WASF2_HUMA
no	399	0,00571856	5441	POLR2L	P62875	RPAB5_HUMA

no	400	0,00366997	160	AP2A1 ADTAA O95782	AP2A1_HUMA
no	401	0,00526814	7525	YES1 YES P07947	YES_HUMAN
no	402	0,00752078	3636	INPL1 SHIP2 O15357	SHIP2_HUMA
no	403	0,00684604	5919	RARRES2 TIG2 Q99969	RARR2_HUMA
no	404	0,00493176	9702	CEP57 KIAA00 Q86XR8	CEP57_HUMA
no	405	0,00418983	51429	SNX9 SH3PX1 Q9Y5X1	SNX9_HUMAN
no	406	0,00462903	56975	FAM20C DMP Q8IXL6	FA20C_HUMA
no	407	0,00364732	11059	WWP1 Q9H0M0	WWP1_HUMA
yes	408	0,0037065	3482	IGF2R MPRI P11717	MPRI_HUMAN
no	409	0,00322399	10519	CIB1 CIB KIP P Q99828	CIB1_HUMAN
no	410	0,00798397	4240	MFGE8 Q08431	MFGM_HUMA
yes	411	0,00494613	659	BMPR2 PPH1 Q13873	BMPR2_HUM.
no	412	0,0046856	6794	STK11 LKB1 PJ Q15831	STK11_HUMA
no	413	0,0050101	9125	CNOT9 RCD1 I Q92600	CNOT9_HUMA
no	414	0,00367795	64855	NIBAN2 C9orf Q96TA1	NIBA2_HUMA
no	415	0,00454575	11252	PACSIN2 Q9UNF0	PACN2_HUMA
no	416	0,00337531	23197	FAF2 ETEA KIA Q96CS3	FAF2_HUMAN
no	417	0,00561852	10979	FERMT2 KIND Q96AC1	FERM2_HUMA
no	418	0,00427117	6464	SHC1 SHC SHC P29353	SHC1_HUMAN
no	419	0,02046329	9001	HAP1 HAP2 HI P54257	HAP1_HUMAN
no	420	0,00325777	10818	FRS2 Q8WU20	FRS2_HUMAN
no	421	0,00617088	3397	ID1 BHLHB24 P41134	ID1_HUMAN
no	422	0,0065332	26018	LRIG1 LIG1 Q96JA1	LRIG1_HUMAN
no	423	0,00534407	116985	ARAP1 CENTD Q96P48	ARAP1_HUMAN
no	424	0,00791916	572	BAD BBC6 BCI Q92934	BAD_HUMAN
no	425	0,00587111	55704	CCDC88A APE Q3V6T2	GRDN_HUMA
no	426	0,00720887	677	ZFP36L1 BERG Q07352	TISB_HUMAN
no	427	0,00444413	57045	TWSG1 TSG P Q9GZX9	TWSG1_HUM.
no	428	0,00441776	9261	MAPKAPK2 P49137	MAPK2_HUM.
no	429	0,00518495	25	ABL1 ABL JTK7 P00519	ABL1_HUMAN
no	430	0,00359949	5595	MAPK3 ERK1 I P27361	MK03_HUMA
no	431	0,00523005	1848	DUSP6 MKP3 Q16828	DUS6_HUMAN
no	432	0,00626917	10457	GPNMB HGFII Q14956	GPNMB_HUM
no	433	0,00565265	23607	CD2AP Q9Y5K6	CD2AP_HUMA
no	434	0,00429659	2010	EMD EDMD S P50402	EMD_HUMAN
no	435	0,00358532	79139	DERL1 DER1 L Q9BUN8	DERL1_HUMA
no	436	0,00934083	1803	DPP4 ADCP2 C P27487	DPP4_HUMAN
no	437	0,00458367	2241	FER TYK3 P16591	FER_HUMAN
no	438	0,00502043	6935	ZEB1 AREB6 T P37275	ZEB1_HUMAN
no	439	0,00298801	10254	STAM2 HBP O75886	STAM2_HUM.
yes	440	0,0040722	4040	LRP6 NA	NA
no	441	0,00878089	2152	F3 P13726	TF_HUMAN
no	442	0,00498647	5335	PLCG1 PLC1 P19174	PLCG1_HUMA
no	443	0,00383326	1385	CREB1 P16220	CREB1_HUMA
no	444	0,00556816	23542	MAPK8IP2 IB2 Q13387	JIP2_HUMAN
no	445	0,00476881	8692	HYAL2 LUCA2 Q12891	HYAL2_HUMA
no	446	0,0040139	63916	ELMO2 CED12 Q96JJ3	ELMO2_HUM.
no	447	0,00729902	2185	PTK2B FAK2 P Q14289	FAK2_HUMAN
no	448	0,0040439	6654	SOS1 Q07889	SOS1_HUMAN
no	449	0,00548951	9719	ADAMTSL2 KI Q86TH1	ATL2_HUMAN

no	450	0,0044353	1793 DOCK1	Q14185	DOCK1_HUM/
no	451	0,0045822	9110 MTMR4 KIAA0991	Q9NYA4	MTMR4_HUM
no	452	0,00793877	10891 PPARGC1A LEI	Q9UBK2	PRGC1_HUM/
no	453	0,00390495	23636 NUP62	P37198	NUP62_HUM/
no	454	0,00559862	3554 IL1R1 IL1R IL1	P14778	IL1R1_HUMAI
no	455	0,00788195	11082 ESM1	Q9NQ30	ESM1_HUMAI
no	456	0,00447139	1398 CRK	P46108	CRK_HUMAN
no	457	0,00628749	54845 ESRP1 RBM35	Q6NXG1	ESRP1_HUMA
no	458	0,00588076	57493 HEG1 KIAA1251	Q9ULI3	HEG1_HUMAI
no	459	0,0120174	51155 JPT1 ARM2 HIF	Q9UK76	JUPI1_HUMAI
no	460	0,00387123	85021 REPS1	Q96D71	REPS1_HUMA
no	461	0,00403702	868 CBLB RNF56	NQ13191	CBLB_HUMAN
no	462	0,00448949	8879 SGPL1 KIAA1209	Q95470	SGPL1_HUMA
no	463	0,00364308	634 CEACAM1 BGIP	P13688	CEAM1_HUM.
no	464	0,00382615	5170 PDPK1 PDK1	O15530	PDPK1_HUM/
no	465	0,00406308	847 CAT	P04040	CATA_HUMAI
no	466	0,00478065	23236 PLCB1 KIAA0509	Q9NQ66	PLCB1_HUMA
no	467	0,0052127	182 JAG1 JAGL1	P78504	JAG1_HUMAN
no	468	0,00440017	5062 PAK2	Q13177	PAK2_HUMAI
no	469	0,00633311	22918 CD93 C1QR1	Q9NPN3	C1QR1_HUM/
no	470	0,00431	11054 OGFR	Q9NNT2	OGFR_HUMAI
no	471	0,01044454	347 APOD	P05090	APOD_HUMA
no	472	0,00361268	5795 PTPRJ DEP1	Q12913	PTPRJ_HUMA
no	473	0,00469972	2081 ERN1 IRE1	O75460	ERN1_HUMAI
no	474	0,00572391	7791 ZYX	Q15942	ZYX_HUMAN
no	475	0,00346395	10524 KAT5 HTATIP	Q92993	KAT5_HUMAI
no	476	0,00724691	3265 HRAS HRAS1	P01112	RASH_HUMAI
no	477	0,00329764	10006 ABI1 SSH3BP1	Q8IZP0	ABI1_HUMAN
no	478	0,003564	5770 PTPN1 PTP1B	P18031	PTN1_HUMAI
no	479	0,00319541	3622 ING2 ING1L	Q9H160	ING2_HUMAN
no	480	0,00405495	405 ARNT BHLHE2	P27540	ARNT_HUMAI
no	481	0,0026955	4646 MYO6 KIAA0309	Q9UM54	MYO6_HUMA
no	482	0,00375313	6198 RPS6KB1 STK1	P23443	KS6B1_HUMA
no	483	0,00366502	54778 RNF111	Q6ZNA4	RN111_HUM/
no	484	0,0029397	8411 EEA1 ZFYVE2	Q15075	EEA1_HUMAN
no	485	0,00295293	5867 RAB4A RAB4	P20338	RAB4A_HUM/
no	486	0,00429384	10298 PAK4 KIAA1140	Q96013	PAK4_HUMAI
no	487	0,00457358	2033 EP300 P300	Q09472	EP300_HUMA
no	488	0,0032911	6667 SP1 TSFP1	P08047	SP1_HUMAN
no	489	0,00375097	51479 ANKFY1 ANKH	Q9P2R3	ANFY1_HUM/
no	490	0,00343115	83891 SNX25 MSTP0	Q9H3E2	SNX25_HUM/
no	491	0,00483315	10458 BAIAP2	Q9UQB8	BAIP2_HUMA
no	492	0,00383544	10067 SCAMP3 C1orf	O14828	SCAM3_HUM.
no	493	0,00596668	2065 ERBB3 HER3	P21860	ERBB3_HUM/
no	494	0,00511886	3903 LAIR1 CD305	Q6GTX8	LAIR1_HUMAI
no	495	0,00334811	5774 PTPN3 PTPH1	P26045	PTN3_HUMAI
no	496	0,00436045	81628 TSC22D4 THG	Q9Y3Q8	T22D4_HUM/
no	497	0,00400828	6477 SIAH1 HUMSI	Q8IUQ4	SIAH1_HUMA
no	498	0,00298193	55294 FBXW7 FBW7	Q969H0	FBXW7_HUM.
no	499	0,00820541	5327 PLAT	P00750	TPA_HUMAN

no	500	0,00465976	3791	KDR FLK1 VEG P35968	VGFR2_HUM/
no	501	0,00531113	11031	RAB31 RAB22 Q13636	RAB31_HUM/
no	502	0,00732827	9518	GDF15 MIC1 F Q99988	GDF15_HUM/
no	503	0,00394136	23327	NEDD4L KIAA0966 Q96PU5	NED4L_HUM/
no	504	0,00486525	4915	NTRK2 TRKB Q16620	NTRK2_HUM/
no	505	0,00326868	4249	MGAT5 GGNT Q09328	MGT5A_HUM
no	506	0,00366217	4300	MLLT3 AF9 YE P42568	AF9_HUMAN
no	507	0,00293624	118813	ZFYVE27 SPG3 Q5T4F4	ZFY27_HUMA
no	508	0,0042746	5154	PDGFA PDGF1 P04085	PDGFA_HUM/
no	509	0,00386991	55558	PLXNA3 PLXNA P51805	PLXA3_HUMA
no	510	0,00336226	3717	JAK2 O60674	JAK2_HUMAN
no	511	0,00371542	51741	WWOX FORS Q9NZC7	WWOX_HUM.
no	512	0,00498464	2059	EPS8 Q12929	EPS8_HUMAN
no	513	0,00448966	1432	MAPK14 CSBP Q16539	MK14_HUMA
no	514	0,00330586	130617	ZFAND2B AIR1 Q8WV99	ZFN2B_HUMA
no	515	0,00259751	9451	EIF2AK3 PEK F Q9NZJ5	E2AK3_HUMA
no	516	0,00638022	64651	CSRNP1 AXUD Q96S65	CSRN1_HUM/
no	517	0,01130421	727	C5 CPAMD4 P01031	CO5_HUMAN
no	518	0,008538	64094	SMOC2 SMAP Q9H3U7	SMOC2_HUM
no	519	0,00273028	9372	ZFYVE9 MADF Q95405	ZFYV9_HUMA
no	520	0,00385744	9344	TAOK2 KIAA0966 Q9UL54	TAOK2_HUM/
no	521	0,00703179	4052	LTBP1 Q14766	LTBP1_HUMA
yes	522	0,00319377	657	BMPR1A ACVIP P36894	BMR1A_HUM
no	523	0,00549529	6456	SH3GL2 CNSA Q99962	SH3G2_HUM/
no	524	0,00340658	5796	PTPRK PTPK Q15262	PTPRK_HUMA
no	525	0,00439435	84687	PPP1R9B PPP1 Q96SB3	NEB2_HUMAN
no	526	0,00769751	4053	LTBP2 C14orf10 Q14767	LTBP2_HUMA
no	527	0,0043354	753	LDLRAD4 C18orf10 Q15165	LRAD4_HUM/
no	528	0,00315694	2308	FOXO1 FKHR F Q12778	FOXO1_HUM/
no	529	0,0035469	84058	WDR54 Q9H977	WDR54_HUM
no	530	0,00428809	8503	PIK3R3 Q92569	P55G_HUMAN
no	531	0,00562518	3678	ITGA5 FNRA P08648	ITA5_HUMAN
no	532	0,00282779	8835	SOCS2 CIS2 SS O14508	SOCS2_HUMA
no	533	0,00388845	84818	IL17RC UNQ6: Q8NAC3	I17RC_HUMAN
no	534	0,00366778	409	ARRB2 ARB2 P32121	ARRB2_HUM/
no	535	0,00375437	6622	SNCA NACP P37840	SYUA_HUMAN
no	536	0,00477041	5469	MED1 ARC205 Q15648	MED1_HUMA
no	537	0,0043743	2648	KAT2A GCN5 Q92830	KAT2A_HUM/
no	538	0,00312696	64750	SMURF2 Q9HAU4	SMUF2_HUM.
no	539	0,00249777	51701	NLK LAK1 Q9UBE8	NLK_HUMAN
no	540	0,00531206	25976	TIPARP PARP7 Q7Z3E1	PARPT_HUM/
no	541	0,0030244	10276	NET1 ARHGEF Q7Z628	ARHG8_HUM/
no	542	0,00312941	57521	RPTOR KIAA1383 Q8N122	RPTOR_HUM/
no	543	0,00307804	79666	PLEKHF2 ZFYV Q9H8W4	PKHF2_HUMA
no	544	0,00293468	23592	LEMD3 MAN1 Q9Y2U8	MAN1_HUMA
no	545	0,00346513	8751	ADAM15 MDQ Q13444	ADA15_HUM/
no	546	0,00538084	51816	ADA2 ADGF C Q9NZK5	ADA2_HUMAN
no	547	0,00280162	4690	NCK1 NCK P16333	NCK1_HUMAN
no	548	0,01178585	3489	IGFBP6 IBP6 P24592	IBP6_HUMAN
no	549	0,00788945	6387	CXCL12 SDF1 P48061	SDF1_HUMAN

no	550	0,00462365	5058 PAK1	Q13153	PAK1_HUMAN
no	551	0,00430973	152503 SH3D19	Q5HYK7	SH319_HUMAN
no	552	0,0042879	858 CAV2	P51636	CAV2_HUMAN
no	553	0,00424774	5433 POLR2D	O15514	RPB4_HUMAN
yes	554	0,0036224	4041 LRP5/7	NA	NA
no	555	0,00411909	55658 RNF126	Q9BV68	RN126_HUMAN
no	556	0,00352074	58513 EPS15L1	EPS1 Q9UBC2	EP15R_HUMAN
no	557	0,00256603	51347 TAOK3	DPK JII Q9H2K8	TAOK3_HUMAN
no	558	0,00340534	1535 CYBA	P13498	CY24A_HUMAN
no	559	0,0032087	56288 PARD3	PAR3 F Q8TEW0	PARD3_HUMAN
no	560	0,00353008	5583 PRKCH	PKCL P P24723	KPCL_HUMAN
no	561	0,00304221	7248 TSC1	KIAA024 Q92574	TSC1_HUMAN
no	562	0,00330553	10266 RAMP2	O60895	RAMP2_HUMAN
no	563	0,00342142	5139 PDE3A	Q14432	PDE3A_HUMAN
no	564	0,00289755	23317 DNAJC13	KIAA075165	DJC13_HUMAN
no	565	0,00255458	4686 NCBP1	CBP80 Q09161	NCBP1_HUMAN
no	566	0,00838524	213 ALB	GIG20 GIK P02768	ALBU_HUMAN
no	567	0,00285182	2963 GTF2F2	RAP3(P13984	T2FB_HUMAN
no	568	0,0028764	10617 STABBP	AMS O95630	STABP_HUMAN
no	569	0,00597889	84159 ARID5B	DESRT Q14865	ARI5B_HUMAN
no	570	0,01028509	26585 GREM1	CKTSF O60565	GREM1_HUMAN
no	571	0,00394544	6453 ITSN1	ITSN SH Q15811	ITSN1_HUMAN
yes	572	0,00243553	4037 LRP3	NA	NA
no	573	0,00361333	4771 NF2	SCH P35240	MERL_HUMAN
no	574	0,00437082	10188 TNK2	ACK1 Q07912	ACK1_HUMAN
no	575	0,00310696	22905 EPN2	KIAA106 O95208	EPN2_HUMAN
no	576	0,00256307	93343 MVB12A	CFBF Q96EY5	MB12A_HUMAN
no	577	0,00265346	3845 KRAS	KRAS2 R P01116	RASK_HUMAN
no	578	0,00477738	4137 MAPT	MAPTL P10636	TAU_HUMAN
no	579	0,00264188	122809 SOCS4	SOCS7 Q8WXH5	SOCS4_HUMAN
yes	580	0,00626885	5156 PDGFRA	PDGF P16234	PGFRA_HUMAN
no	581	0,00683104	4856 CCN3	IGFBP9 P48745	CCN3_HUMAN
no	582	0,00352298	6764 ST5	DENND2B P78524	ST5_HUMAN
no	583	0,0027355	55614 KIF16B	C20orf Q96L93	KI16B_HUMAN
no	584	0,00560658	54587 MXRA8	Q9BRK3	MXRA8_HUMAN
no	585	0,00291905	57154 SMURF1	KIAA Q9HCE7	SMUF1_HUMAN
no	586	0,0030196	92 ACVR2A	ACVR P27037	AVR2A_HUMAN
no	587	0,00339303	27429 HTRA2	OMI PI O43464	HTRA2_HUMAN
no	588	0,00335327	2549 GAB1	Q13480	GAB1_HUMAN
no	589	0,0042817	25970 SH2B1	KIAA12 Q9NRF2	SH2B1_HUMAN
no	590	0,00444881	64599 GIGYF1	CDS2 O75420	GGYF1_HUMAN
no	591	0,00252384	2931 GSK3A	P49840	GSK3A_HUMAN
no	592	0,00384554	988 CDC5L	KIAA04 Q99459	CDC5L_HUMAN
no	593	0,00323381	8844 KSR1	KSR Q8IVT5	KSR1_HUMAN
no	594	0,00475084	8542 APOL1	APOL O14791	APOL1_HUMAN
no	595	0,00242032	9860 LRIG2	KIAA08 O94898	LRIG2_HUMAN
no	596	0,00204419	6885 MAP3K7	TAK1 O43318	M3K7_HUMAN
no	597	0,00181632	116150 NUS1	C6orf68 Q96E22	NGBR_HUMAN
no	598	0,00237677	22841 RAB11FIP2	KI Q7L804	RFIP2_HUMAN
no	599	0,00281395	3696 ITGB8	P26012	ITB8_HUMAN

no	600	0,0044569	2002 ELK1	P19419	ELK1_HUMAN
no	601	0,00293816	51534 VTA1 C6orf55	Q9NP79	VTA1_HUMAN
no	602	0,0061248	25805 BAMBI NMA	Q13145	BAMBI_HUMAN
no	603	0,00920845	4233 MET	P08581	MET_HUMAN
no	604	0,00254061	51763 INPP5K PPS S	Q9BT40	INP5K_HUMAN
no	605	0,00468003	2475 MTOR FRAP F	P42345	MTOR_HUMAN
no	606	0,002465	5291 PIK3CB PIK3C	P42338	PIK3CB_HUMAN
no	607	0,00357543	57104 PNPLA2 ATGL	Q96AD5	PLPL2_HUMAN
no	608	0,0027258	30011 SH3KBP1 CIN	Q96B97	SH3K1_HUMAN
no	609	0,00241999	9655 SOCS5 CIS6 CI	O75159	SOCS5_HUMAN
no	610	0,00288035	25865 PRKD2 PKD2 F	Q9BZL6	KPCD2_HUMAN
no	611	0,00348053	8440 NCK2 GRB4	O43639	NCK2_HUMAN
no	612	0,00420017	1003 CDH5	P33151	CADH5_HUMAN
no	613	0,00457	6385 SDC4	P31431	SDC4_HUMAN
no	614	0,00494604	55512 SMPD3	Q9NY59	NSMA2_HUMAN
no	615	0,00326884	6497 SKI	P12755	SKI_HUMAN
no	616	0,00206117	8027 STAM STAM1	Q92783	STAM1_HUMAN
no	617	0,00410792	6422 SFRP1 FRP FRI	Q8N474	SFRP1_HUMAN
no	618	0,00233399	5290 PIK3CA	P42336	PIK3CA_HUMAN
no	619	0,0042334	25817 TAF5 FAM19	Q7Z5A7	TAF5_HUMAN
no	620	0,00242605	27043 PELP1 HMX3 I	Q8IZL8	PELP1_HUMAN
no	621	0,00375165	1901 S1PR1 CHEDG	P21453	S1PR1_HUMAN
no	622	0,00319677	8737 RIPK1 RIP RIP	Q13546	RIPK1_HUMAN
no	623	0,00370051	26509 MYOF FER1L3	Q9NZM1	MYOF_HUMAN
no	624	0,00299926	7410 VAV2	P52735	VAV2_HUMAN
no	625	0,00223419	408 ARRB1 ARR1	P49407	ARRB1_HUMAN
no	626	0,0027203	5296 PIK3R2	O00459	P85B_HUMAN
no	627	0,00331064	6284 S100A13	Q99584	S10AD_HUMAN
no	628	0,00435669	3624 INHBA	P08476	INHBA_HUMAN
no	629	0,0039641	89853 MVB12B C9or	Q9H7P6	MB12B_HUMAN
no	630	0,0036196	79627 OGFRL1	Q5TC84	OGRL1_HUMAN
no	631	0,00876238	1012 CDH13 CDHH	P55290	CAD13_HUMAN
no	632	0,00316458	3949 LDLR	P01130	LDLR_HUMAN
no	633	0,0042585	2191 FAP	Q12884	SEPR_HUMAN
no	634	0,00379684	56243 KIAA1217 SKT	Q5T5P2	SKT_HUMAN
no	635	0,00237496	64081 PBLD MAWBP	P30039	PBLD_HUMAN
no	636	0,00375654	3248 HPGD PGDH1	P15428	PGDH_HUMAN
no	637	0,00218411	7867 MAPKAPK3	Q16644	MAPK3_HUMAN
no	638	0,00456074	9743 ARHGAP32 GF	A7KAX9	RHG32_HUMAN
no	639	0,00337438	7187 TRAF3 CAP1 C	Q13114	TRAF3_HUMAN
no	640	0,00330879	5584 PRKCI DXS117	P41743	KPCI_HUMAN
no	641	0,00388706	51196 PLCE1 KIAA15	Q9P212	PLCE1_HUMAN
no	642	0,00345562	5970 RELA NFKB3	Q04206	TF65_HUMAN
no	643	0,00251266	23411 SIRT1 SIR2L1	Q96EB6	SIR1_HUMAN
no	644	0,00412301	1445 CSK	P41240	CSK_HUMAN
no	645	0,00266525	92799 SHKBP1 SB1 P	Q8TBC3	SHKB1_HUMAN
no	646	0,00721905	3623 INHA	P05111	INHA_HUMAN
no	647	0,00265455	55972 SLC25A40 MC	Q8TBP6	S2540_HUMAN
no	648	0,00326127	7456 WIPF1 WASPI	O43516	WIPF1_HUMAN
no	649	0,00462082	3249 HPN TMPRSS1	P05981	HEPS_HUMAN

yes	650	0,00274169	8323	FZD6	NA	NA
no	651	0,00484415	93145	OLFM2	NOE2 O95897	NOE2_HUMAN
no	652	0,00317032	8828	NRP2	VEGF16 O60462	NRP2_HUMAN
no	653	0,00830256	3481	IGF2	PP1446 P01344	IGF2_HUMAN
no	654	0,00209617	23370	ARHGEF18	KIAA0625	ARHGEF18_HUMAN
no	655	0,0028358	1951	CELSR3	CDHF1 Q99NYQ7	CELSR3_HUMAN
no	656	0,00234334	5606	MAP2K3	MEK P46734	MAP2K3_HUMAN
no	657	0,00191638	4086	SMAD1	BSP1 Q15797	SMAD1_HUMAN
no	658	0,00234482	6714	SRC	SRC1 P12931	SRC_HUMAN
no	659	0,00331004	4643	MYO1E	MYO1 Q12965	MYO1E_HUMAN
no	660	0,00207241	4217	MAP3K5	ASK1 Q99683	MAP3K5_HUMAN
no	661	0,00340197	7305	TYROBP	DAP1 Q43914	TYROBP_HUMAN
no	662	0,00673931	846	CASR	GPRC2A P41180	CASR_HUMAN
no	663	0,00268757	27330	RPS6KA6	RSK4 Q9UK32	RPS6KA6_HUMAN
no	664	0,00248494	6016	RIT1	RIBB RIT Q92963	RIT1_HUMAN
no	665	0,00238291	161742	SPRED1	Q7Z699	SPRED1_HUMAN
no	666	0,00253461	90	ACVR1	ACVRL Q04771	ACVR1_HUMAN
no	667	0,00228098	199731	CADM4	IGSF4 Q8NFBZ8	CADM4_HUMAN
yes	668	0,00179067	7976	FZD3	NA	NA
no	669	0,00349511	91	ACVR1B	ACVR P36896	ACVR1B_HUMAN
no	670	0,00323785	3667	IRS1	P35568	IRS1_HUMAN
no	671	0,00254282	80310	PDGFR	IEGF S Q9GZP0	PDGFR_HUMAN
no	672	0,00300973	8882	ZPR1	ZNF259 Q75312	ZPR1_HUMAN
no	673	0,00262182	51341	ZBTB7A	FBI1 Q95365	ZBTB7A_HUMAN
no	674	0,00520025	153090	DAB2IP	AF9Q Q5VWQ8	DAB2IP_HUMAN
no	675	0,00299092	9636	ISG15	G1P2 U P05161	ISG15_HUMAN
no	676	0,00410771	56940	DUSP22	JSP1 Q9NRW4	DUSP22_HUMAN
no	677	0,00216955	23396	PIP5K1C	KIAA060331	PIP5K1C_HUMAN
no	678	0,00228624	9820	CUL7	KIAA007 Q14999	CUL7_HUMAN
no	679	0,00216362	9530	BAG4	SODD O95429	BAG4_HUMAN
no	680	0,00392294	200958	MUC20	KIAA1 Q8N307	MUC20_HUMAN
no	681	0,0025242	5587	PRKD1	PKD P1Q15139	PRKD1_HUMAN
no	682	0,00291775	161198	CLEC14A	C14C Q86T13	CLEC14A_HUMAN
no	683	0,00459533	6195	RPS6KA1	MAF Q15418	RPS6KA1_HUMAN
no	684	0,00230606	9392	TGFBRAP1	Q8WUH2	TGFBRAP1_HUMAN
no	685	0,00355296	79651	RHDF2	IRHO Q6PJF5	RHDF2_HUMAN
no	686	0,00288459	25960	ADGRA2	GPR1 Q96PE1	ADGRA2_HUMAN
no	687	0,00186846	11116	FGFR1OP	FOP O95684	FGFR1OP_HUMAN
no	688	0,0030034	2615	LRRRC32	D11S Q14392	LRRRC32_HUMAN
no	689	0,00624847	23768	FLRT2	KIAA04 Q43155	FLRT2_HUMAN
no	690	0,00246295	5371	PML	MYL PP8 P29590	PML_HUMAN
no	691	0,003031	57530	CGN	KIAA131 Q9P2M7	CGN_HUMAN
no	692	0,00322507	7223	TRPC4	Q9UBN4	TRPC4_HUMAN
yes	694	0,00399449	1956	EGFR	ERBB ER P00533	EGFR_HUMAN
no	695	0,00250039	6868	ADAM17	CSV1 P78536	ADAM17_HUMAN
no	696	0,00667054	2852	GPER1	CEPR C Q99527	GPER1_HUMAN
no	697	0,00208931	637	BID	P55957	BID_HUMAN
no	698	0,00265174	200734	SPRED2	Q7Z698	SPRED2_HUMAN
no	699	0,00247285	790	CAD	P27708	CAD_HUMAN
no	700	0,0015375	84335	AKT1S1	PRAS4 Q96B36	AKT1S1_HUMAN



no	701	0,00365807	79652	TMEM204 C1(Q9BSN7	TM204_HUM/
no	702	0,00240898	4208	MEF2C Q06413	MEF2C_HUM/
yes	703	0,00416319	7855	FZD5 NA	NA
no	704	0,00342823	2331	FMOD FM SLR Q06828	FMOD_HUMA
no	705	0,00388074	285	ANGPT2 O15123	ANGP2_HUM/
no	706	0,0030661	11344	TWF2 PTK9L N Q6IBS0	TWF2_HUMA/
no	707	0,00236937	650	BMP2 BMP2A P12643	BMP2_HUMA
no	708	0,00215579	84619	ZGPAT GPATC Q8N5A5	ZGPAT_HUMA/
no	709	0,00321114	81848	SPRY4 Q9C004	SPY4_HUMAN
no	710	0,0052046	8862	APLN APEL Q9ULZ1	APEL_HUMAN
no	711	0,0022076	2120	ETV6 TEL TEL1 P41212	ETV6_HUMAN
no	712	0,00310609	56937	PMEPA1 STAC Q969W9	PMEPA_HUM.
no	713	0,00196115	163126	EID2 CRI2 Q8N6I1	EID2_HUMAN
no	714	0,00291732	2257	FGF12 FGF12E P61328	FGF12_HUMA
no	715	0,00238212	54567	DLL4 UNQ189 Q9NR61	DLL4_HUMAN
no	716	0,00312824	558	AXL UFO P30530	UFO_HUMAN
no	717	0,00182061	375790	AGRN AGRIN Q00468	AGRN_HUMA/
no	718	0,00315618	1020	CDK5 CDKN5 Q00535	CDK5_HUMA/
no	719	0,0018819	79031	PDCL3 PhLP2 Q9H2J4	PDCL3_HUMA
no	720	0,00255092	9322	TRIP10 CIP4 S Q15642	CIP4_HUMAN
no	721	0,00297396	728	C5AR1 C5AR C P21730	C5AR1_HUMA/
no	722	0,00163562	147179	WIPF2 WICH Q8TF74	WIPF2_HUMA
no	723	0,00217598	5590	PRKCZ PKC2 Q05513	KPCZ_HUMAN
no	724	0,0019779	79874	RABEP2 RABP Q9H5N1	RABE2_HUMA/
no	725	0,00173956	80199	FUZ FY Q9BT04	FUZZY_HUMA
no	726	0,00290049	260425	MAGI3 KIAA1(Q5TCQ9	MAGI3_HUM/
no	727	0,00271438	7043	TGFB3 P10600	TGFB3_HUMA/
no	728	0,00330928	1545	CYP1B1 Q16678	CP1B1_HUMA
no	729	0,00193192	8527	DGKD KIAA01 Q16760	DGKD_HUMA
no	730	0,00224936	2817	GPC1 P35052	GPC1_HUMA/
no	731	0,00395925	7056	THBD THRM P07204	TRBM_HUMA
no	732	0,00941322	3872	KRT17 Q04695	K1C17_HUMA
no	733	0,00314611	7049	TGFB3 Q03167	TGBR3_HUM/
no	734	0,0019821	79812	MMRN2 EMIL Q9H8L6	MMRN2_HUN
no	735	0,00294452	135228	CD109 CPAM(Q6YHK3	CD109_HUMA/
no	736	0,00285259	94	ACVRL1 ACVR P37023	ACVL1_HUMA
no	737	0,00160611	79643	CHMP6 VPS2(Q96FZ7	CHMP6_HUM
no	738	0,00230211	7050	TGIF1 TGIF Q15583	TGIF1_HUMA/
no	739	0,00507461	5138	PDE2A O00408	PDE2A_HUM/
no	740	0,00158869	2591	GALNT3 Q14435	GALT3_HUMA
no	741	0,00209095	4093	SMAD9 MAD(Q15198	SMAD9_HUM
no	742	0,00203889	3714	JAG2 Q9Y219	JAG2_HUMAN
no	743	0,0014656	7424	VEGFC P49767	VEGFC_HUMA/
no	744	0,00251446	9265	CYTH3 ARNO3 Q43739	CYH3_HUMA/
no	745	0,00216734	5361	PLXNA1 NOV(Q9UIW2	PLXA1_HUMA
no	746	0,00310313	10125	RASGRP1 RAS Q95267	GRP1_HUMA/
no	747	0,00204362	23294	ANKS1A ANKS Q92625	ANS1A_HUM/
no	748	0,00340205	672	BRCA1 RNF53 P38398	BRCA1_HUM/
no	749	0,00526405	2719	GPC3 OCI5 P51654	GPC3_HUMA/
no	750	0,0016933	57732	ZFYVE28 KIAA Q9HCC9	LST2_HUMAN

no	751	0,00216403	10253	SPRY2	O43597	SPY2_HUMAN
no	752	0,0014835	5526	PPP2R5B	Q15173	2A5B_HUMAN
no	753	0,00115779	55177	RMDN3 FAME8	Q96TC7	RMD3_HUMAN
no	754	0,00168325	7186	TRAF2 TRAP3	Q12933	TRAF2_HUMAN
no	755	0,0017157	5287	PIK3C2B	O00750	P3C2B_HUMAN
no	756	0,00283621	4015	LOX	P28300	LYOX_HUMAN
no	757	0,00219818	5336	PLCG2	P16885	PLCG2_HUMAN
no	758	0,00262232	10636	RGS14	O43566	RGS14_HUMAN
no	759	0,00315587	10216	PRG4 MSF SZF	Q92954	PRG4_HUMAN
no	760	0,00307945	94031	HTRA3 PRSP	P83110	HTRA3_HUMAN
no	761	0,00219279	50855	PARD6A PAR6	Q9NPB6	PAR6A_HUMAN
no	762	0,00140669	1028	CDKN1C KIP2	P49918	CDN1C_HUMAN
no	763	0,00260807	6382	SDC1 SDC	P18827	SDC1_HUMAN
no	764	0,00140466	7157	TP53 P53	P04637	P53_HUMAN
no	765	0,00167428	5578	PRKCA PKCA	F P17252	KPCA_HUMAN
no	766	0,0012346	25778	DSTYK KIAA04	Q6XUX3	DUSTY_HUMAN
no	767	0,00210827	51330	TNFRSF12A FN	Q9NP84	TNR12_HUMAN
yes	768	0,00251819	8321	FZD1	NA	NA
no	769	0,00255658	10938	EHD1 PAST PA	Q9H4M9	EHD1_HUMAN
no	770	0,00323875	1536	CYBB NOX2	P04839	CY24B_HUMAN
no	771	0,00284264	11117	EMILIN1 EMI	Q9Y6C2	EMIL1_HUMAN
no	772	0,00156774	5912	RAP2B	P61225	RAP2B_HUMAN
yes	773	0,00223837	8322	FZD4	Q9ULV1	FZD4_HUMAN
no	774	0,00175865	4254	KITLG MGF SC	P21583	SCF_HUMAN
no	775	0,00275733	25878	MXRA5	Q9NR99	MXRA5_HUMAN
no	776	0,00278344	3815	KIT SCFR	P10721	KIT_HUMAN
no	777	0,00155174	4067	LYN JTK8	P07948	LYN_HUMAN
no	778	0,00239212	5155	PDGFB PDGF2	P01127	PDGFB_HUMAN
no	779	0,00257353	2246	FGF1 FGFA	P05230	FGF1_HUMAN
no	780	0,00261907	9180	OSMR OSMRE	Q99650	OSMR_HUMAN
no	781	0,00338258	8013	NR4A3 CHN C	Q92570	NR4A3_HUMAN
no	782	0,00200902	6376	CX3CL1 FKN	N P78423	X3CL1_HUMAN
no	783	0,00194139	463	ZFH3 ATBF1	Q15911	ZFH3_HUMAN
no	784	0,00184364	8742	TNFSF12 APO	O43508	TNF12_HUMAN
no	785	0,00198079	10454	TAB1 MAP3K7	Q15750	TAB1_HUMAN
no	786	0,00662199	143282	FGFBP3 C10or	Q8TAT2	FGFBP3_HUMAN
no	787	0,00285119	2264	FGFR4 JTK2 T	P22455	FGFR4_HUMAN
no	788	0,00133261	538	ATP7A MC1 N	Q04656	ATP7A_HUMAN
no	789	0,00201243	5328	PLAU	P00749	UROK_HUMAN
no	790	0,00223231	23625	FAM89B Lrap	Q8N5H3	LRA25_HUMAN
no	791	0,00223854	114990	VASN SLITL2 L	Q6EMK4	VASN_HUMAN
no	792	0,00199461	64762	GAREM1 C18c	Q9H706	GARE1_HUMAN
no	793	0,001757	6196	RPS6KA2 MAF	Q15349	KS6A2_HUMAN
no	794	0,00155257	2886	GRB7	Q14451	GRB7_HUMAN
no	795	0,00198613	3676	ITGA4 CD49D	P13612	ITA4_HUMAN
no	796	0,00170707	7075	TIE1 TIE	P35590	TIE1_HUMAN
no	797	0,00197992	56034	PDGFC SCDGF	Q9NRA1	PDGFC_HUMAN
no	798	0,00315835	79633	FAT4 CDHF14	Q6V0I7	FAT4_HUMAN
no	799	0,00227643	3092	HIP1	O00291	HIP1_HUMAN
no	800	0,00286867	2261	FGFR3 JTK4	P22607	FGFR3_HUMAN

no	801	0,00200568	5329	PLAUR MO3 L Q03405	UPAR_HUMAI
no	802	0,00243504	4221	MEN1 SCG2 O00255	MEN1_HUMA
no	803	0,00417229	8631	SKAP1 SCAP1 Q86WV1	SKAP1_HUMA
no	804	0,00272182	2690	GHR P10912	GHR_HUMAN
no	805	0,00153772	4092	SMAD7 MADF O15105	SMAD7_HUM
no	806	0,00159374	11146	GLMN FAP48 Q92990	GLMN_HUMA
no	807	0,00328861	4504	MT3 P25713	MT3_HUMAN
no	808	0,00244302	9353	SLIT2 SLIL3 O94813	SLIT2_HUMAN
no	809	0,00228829	7409	VAV1 VAV P15498	VAV_HUMAN
no	810	0,00181702	2252	FGF7 KGF P21781	FGF7_HUMAN
no	811	0,0025841	976	CD97 P48960	CD97_HUMAN
no	812	0,00268593	374	AREG AREGB P15514	AREG_HUMAI
no	813	0,00424304	2155	F7 P08709	FA7_HUMAN
no	814	0,0018764	5600	MAPK11 PRKM Q15759	MK11_HUMA
no	815	0,00410971	154	ADRB2 ADRB2 P07550	ADRB2_HUM/
no	816	0,00175014	2323	FLT3LG P49771	FLT3L_HUMAI
no	817	0,00215388	1435	CSF1 P09603	CSF1_HUMAN
no	818	0,00215005	2888	GRB14 Q14449	GRB14_HUM/
no	819	0,002451	4582	MUC1 PUM P15941	MUC1_HUMA
no	820	0,00145986	9846	GAB2 KIAA057 Q9UQC2	GAB2_HUMAI
no	821	0,00429864	9076	CLDN1 CLD1 S O95832	CLD1_HUMAN
no	822	0,00169332	23624	CBLC CBL3 RN Q9ULV8	CBLC_HUMAN
no	823	0,00178066	2000	ELF4 ELFR ME Q99607	ELF4_HUMAN
no	824	0,0010606	4088	SMAD3 MADF P84022	SMAD3_HUM
no	825	0,00148414	5228	PGF PGFL PLG P49763	PLGF_HUMAN
no	826	0,00137915	80004	ESRP2 RBM35 Q9H6T0	ESRP2_HUMA
no	827	0,00206449	10272	FSTL3 FLRG UI O95633	FSTL3_HUMAI
no	828	0,00123167	355	FAS APT1 FAS P25445	TNR6_HUMAN
no	829	0,00400227	3576	CXCL8 IL8 P10145	IL8_HUMAN
no	830	0,00211538	6662	SOX9 P48436	SOX9_HUMAN
no	831	0,00173357	5241	PGR NR3C3 P06401	PRGR_HUMAI
no	832	0,00163016	3071	NCKAP1L HEM P55160	NCKPL_HUMA
no	833	0,00216786	1839	HBEGF DTR D Q99075	HBEGF_HUM/
no	834	0,00102174	5157	PDGFRL PRLT Q15198	PGFRL_HUMA
no	835	0,00291615	27286	SRPX2 SRPUL O60687	SRPX2_HUMA
no	836	0,00138652	7122	CLDN5 AWAL O00501	CLD5_HUMAN
no	837	0,00647983	5473	PPBP CTAP3 C P02775	CXCL7_HUMA
no	838	0,00129297	50515	CHST11 Q9NPF2	CHSTB_HUMA
no	839	0,00192034	7041	TGFB111 ARA5 O43294	TGF11_HUMAI
no	840	0,00147744	9252	RPS6KA5 MSK O75582	KS6A5_HUMA
no	841	0,0014279	57556	SEMA6A KIAA Q9H2E6	SEM6A_HUM/
no	842	0,00103193	2064	ERBB2 HER2 NP04626	ERBB2_HUMA
no	843	0,00158303	2651	GCNT2 GCNT5 Q8N0V5	GNT2A_HUM/
no	844	0,00236806	55679	LIMS2 PINCH2 Q7Z4I7	LIMS2_HUMA
no	845	0,00271182	7474	WNT5A P41221	WNT5A_HUM
no	846	0,00123755	3965	LGALS9 O00182	LEG9_HUMAN
no	847	0,00125522	93	ACVR2B Q13705	AVR2B_HUM/
no	848	0,00181104	11151	CORO1A CORP P31146	COR1A_HUM/
no	849	0,00136832	9185	REPS2 POB1 Q8NFH8	REPS2_HUMA
no	850	0,00157815	28514	DLL1 UNQ146 O00548	DLL1_HUMAN

no	851	0,00149897	5284	PIGR	P01833	PIGR_HUMAN
no	852	0,00093821	10220	GDF11 BMP11	O95390	GDF11_HUMAN
no	853	0,00326217	85409	NKD2	Q969F2	NKD2_HUMAN
no	854	0,0015707	7133	TNFRSF1B TNIP	P20333	TNR1B_HUMAN
no	855	0,00098492	80139	ZNF703 ZEPPC	Q9H7S9	ZN703_HUMAN
no	856	0,00132138	283149	BCL9L DLNB11	Q86UU0	BCL9L_HUMAN
no	857	0,00141402	6591	SNAI2 SLUG SIO	Q43623	SNAI2_HUMAN
no	858	0,00112271	685	BTC	P35070	BTC_HUMAN
no	859	0,00126674	85377	MICALL1 KIAA	Q8N3F8	MILK1_HUMAN
no	860	0,00139235	958	CD40 TNFRSF	P25942	TNR5_HUMAN
no	861	0,00181955	1952	CELSR2 CDHF	Q9HCU4	CELR2_HUMAN
no	862	0,001232	7010	TEK TIE2 VMC	Q02763	TIE2_HUMAN
no	863	0,00147176	9770	RASSF2 CENP-	P50749	RASF2_HUMAN
no	864	0,00217829	6004	RGS16 RGSR	O15492	RGS16_HUMAN
no	865	0,00165341	90993	CREB3L1 OASI	Q96BA8	CR3L1_HUMAN
no	866	0,00104979	9712	USP6NL KIAA	Q92738	US6NL_HUMAN
no	867	0,00126041	4851	NOTCH1 TAN1	P46531	NOTC1_HUMAN
no	868	0,00082953	128853	DUSP15 C20	Q9H1R2	DUS15_HUMAN
no	869	0,00128233	1796	DOK1	Q99704	DOK1_HUMAN
no	870	0,00103403	57462	MYORG KIAA	Q1Q6NSJ0	MYORG_HUMAN
no	871	0,00139001	6461	SHB	Q15464	SHB_HUMAN
no	872	0,00098749	6548	SLC9A1 APNH	P19634	SL9A1_HUMAN
no	873	0,00110938	8986	RPS6KA4 MSK	O75676	KS6A4_HUMAN
no	874	0,00151354	867	CBL CBL2 RNF	P22681	CBL_HUMAN
no	875	0,00125846	656	BMP8B BMP8	P34820	BMP8B_HUMAN
no	876	0,00209917	11033	ADAP1 CENTA	O75689	ADAP1_HUMAN
no	877	0,00167248	3625	INHBB	P09529	INHBB_HUMAN
no	878	0,00129605	6457	SH3GL3 CNSA	Q99963	SH3G3_HUMAN
no	879	0,00324245	1869	E2F1 RBBP3	Q01094	E2F1_HUMAN
no	880	0,00105834	10461	MERTK MER	Q12866	MERTK_HUMAN
no	881	0,00247379	84894	LINGO1 LERN	Q96FE5	LIGO1_HUMAN
no	882	0,00144132	10451	VAV3	Q9UKW4	VAV3_HUMAN
no	883	0,00116197	1030	CDKN2B MTS	P42772	CDN2B_HUMAN
no	884	0,00087668	55615	PRR5 PROTOR	P85299	PRR5_HUMAN
no	885	0,00150917	3730	ANOS1 ADML	P23352	KALM_HUMAN
no	886	0,00114241	2324	FLT4 VEGFR3	P35916	VGFR3_HUMAN
no	887	0,00130368	8651	SOCS1 SSI1 TII	O15524	SOCS1_HUMAN
no	888	0,0008714	596	BCL2	P10415	BCL2_HUMAN
no	889	0,00109176	3090	HIC1 ZBTB29	Q14526	HIC1_HUMAN
no	890	0,00122318	719	C3AR1 AZ3B C	Q16581	C3AR_HUMAN
no	891	0,00100463	58512	DLGAP3 DAP3	O95886	DLGP3_HUMAN
no	892	0,00078413	268	AMH MIF	P03971	MIS_HUMAN
no	893	0,00116908	652	BMP4 BMP2B	P12644	BMP4_HUMAN
no	894	0,00160486	8516	ITGA8	P53708	ITA8_HUMAN
no	895	0,00108693	6403	SELP GMRP G	P16109	LYAM3_HUMAN
no	896	0,00096913	1609	DGKQ DAGK4	P52824	DGKQ_HUMAN
no	897	0,00158464	130399	ACVR1C ALK7	Q8NER5	ACV1C_HUMAN
no	898	0,00144074	2619	GAS1	P54826	GAS1_HUMAN
no	899	0,00139563	3691	ITGB4	P16144	ITB4_HUMAN
no	900	0,00115219	152831	KLB	Q86Z14	KLOTB_HUMAN

no	901	0,00133444	4902	NRTN	Q99748	NRTN_HUMAI
no	902	0,00112104	4846	NOS3	P29474	NOS3_HUMAI
no	903	0,00232975	3569	IL6 IFNB2	P05231	IL6_HUMAN
no	904	0,00100919	2242	FES FPS	P07332	FES_HUMAN
no	905	0,00068253	3600	IL15	P40933	IL15_HUMAN
no	906	0,00111735	81792	ADAMTS12 UIP58397		ATS12_HUMA
no	907	0,00094849	1906	EDN1	P05305	EDN1_HUMAI
no	908	0,00188894	367	AR DHTR NR3 P10275		ANDR_HUMA
no	909	0,00089367	80864	EGFL8 C6orf8 Q99944		EGFL8_HUMA
no	910	0,00102287	284	ANGPT1 KIAA Q15389		ANGP1_HUM/
yes	911	0,00088623	7804	LRP8 APOER2 Q14114		LRP8_HUMAN
no	912	0,00110335	2263	FGFR2 BEK KGP21802		FGFR2_HUMA
no	913	0,00183841	3484	IGFBP1 IBP1 P08833		IBP1_HUMAN
no	914	0,00134412	2919	CXCL1 GRO GI P09341		GROA_HUMA
no	915	0,00103039	3690	ITGB3 GP3A P05106		ITB3_HUMAN
no	916	0,00106122	654	BMP6 VGR P22004		BMP6_HUMA
no	917	0,00068287	84632	AFAP1L2 KIAA Q8N4X5		AF1L2_HUMA
no	918	0,00087441	7042	TGFB2 P61812		TGFB2_HUMA
no	919	0,00097412	7185	TRAF1 EBI6 Q13077		TRAF1_HUMA
no	920	0,00129829	128674	PROKR2 GPR7 Q8NFJ6		PKR2_HUMAN
no	921	0,0009878	1001	CDH3 CDHP P22223		CADH3_HUM/
no	922	0,00128381	5579	PRKCB PKCB P P05771		KPCB_HUMAN
no	923	0,00088295	3082	HGF HPTA P14210		HGF_HUMAN
no	924	0,00137086	8577	TMEFF1 C9orf Q8IYR6		TEFF1_HUMA
no	925	0,00262189	23671	TMEFF2 HPP1 Q9UIK5		TEFF2_HUMA
no	926	0,00217368	83729	INHBE P58166		INHBE_HUMA
no	927	0,00165081	10643	IGF2BP3 IMP3 O00425		IF2B3_HUMAI
no	928	0,00150144	860	RUNX2 AML3 Q13950		RUNX2_HUM/
no	929	0,00114247	3553	IL1B IL1F2 P01584		IL1B_HUMAN
no	930	0,00081684	1969	EPHA2 ECK P29317		EPHA2_HUM/
no	931	0,0005936	4688	NCF2 NOXA2 P19878		NCF2_HUMAN
no	932	0,00067355	10817	FRS3 O43559		FRS3_HUMAN
no	933	0,00134248	55359	STYK1 NOK Q6J9G0		STYK1_HUMA
no	934	0,00067817	3087	HHEX HEX PR Q03014		HHEX_HUMAI
no	935	0,00056871	9480	ONECUT2 HNI O95948		ONEC2_HUM/
yes	936	0,00105342	887	CCKBR NA		NA
no	937	0,00132395	3175	ONECUT1 HNI Q9UBCO		HNF6_HUMAI
no	938	0,00112136	335	APOA1 P02647		APOA1_HUM/
no	939	0,00088353	9402	GRAP2 GADS O75791		GRAP2_HUM/
no	940	0,00055781	2254	FGF9 P31371		FGF9_HUMAN
no	941	0,00061141	5739	PTGIR PRIPR P43119		PI2R_HUMAN
no	942	0,00064224	54756	IL17RD IL17RL Q8NFM7		I17RD_HUMA
no	943	0,00107423	9542	NRG2 NTAK O14511		NRG2_HUMAI
no	944	0,00094564	4804	NGFR TNFRSF P08138		TNR16_HUM/
no	945	0,00089601	3574	IL7 P13232		IL7_HUMAN
no	946	0,00070457	145957	NRG4 Q8WWG1		NRG4_HUMAI
no	947	0,00116666	4091	SMAD6 MAD O43541		SMAD6_HUM
no	948	0,00070873	199699	DAND5 CER2 Q8N907		DAND5_HUM.
no	949	0,00055292	64285	RHDF1 C16o Q96CC6		RHDF1_HUM/
no	950	0,00063601	8877	SPHK1 SK1 SP Q9NYA1		SPHK1_HUMA

no	951	0,00086991	146433	IL34 C16orf77 Q6ZMJ4	IL34_HUMAN
no	952	0,00085162	3976	LIF HILDA P15018	LIF_HUMAN
no	953	0,00085666	3479	IGF1 IBP1 P05019	IGF1_HUMAN
no	954	0,00109414	3084	NRG1 GGF HG Q02297	NRG1_HUMAN
no	955	0,00069958	375033	PEAR1 MEGF1 Q5VY43	PEAR1_HUMAN
no	956	0,0007257	30817	ADGRE2 EMR: Q9UHX3	ADGRE2_HUMAN
no	957	0,00031971	5623	PSPN O60542	PSPN_HUMAN
yes	958	0,00077806	4038	LRP4 KIAA081 O75096	LRP4_HUMAN
no	959	0,00066159	5764	PTN HBNF1 NP21246	PTN_HUMAN
no	960	0,00088603	136	ADORA2B P29275	ADORA2B_HUMAN
yes	961	0,0007781	8324	FZD7 NA	NA
yes	962	0,0004651	8325	FZD8 NA	NA
no	963	0,00179787	197	AHSG FETUA FP02765	FETUA_HUMAN
no	964	0,00059758	7442	TRPV1 VR1 Q8NER1	TRPV1_HUMAN
no	965	0,00039619	7039	TGFA P01135	TGFA_HUMAN
no	966	0,00089392	4318	MMP9 CLG4B P14780	MMP9_HUMAN
no	967	0,00053673	2657	GDF1 P27539	GDF1_HUMAN
no	968	0,00055902	2247	FGF2 FGFB P09038	FGF2_HUMAN
no	969	0,00159389	1524	CX3CR1 CMKEP49238	CX3CR1_HUMAN
no	970	0,00070607	444882	IGFL4 Q6B9Z1	IGFL4_HUMAN
no	971	0,00106684	1950	EGF P01133	EGF_HUMAN
no	972	0,00046466	4689	NCF4 SH3PXD Q15080	NCF4_HUMAN
no	973	0,00057649	4070	TACSTD2 GA7 P09758	TACSTD2_HUMAN
no	974	0,0007331	2296	FOXC1 FKHL7 Q12948	FOXC1_HUMAN
no	975	0,00048798	150	ADRA2A ADR: P08913	ADRA2A_HUMAN
no	976	0,00047954	3586	IL10 P22301	IL10_HUMAN
yes	977	0,00042003	23767	FLRT3 KIAA14 Q9NZU0	FLRT3_HUMAN
no	978	0,00072767	79674	VEPH1 KIAA16 Q14D04	MELT_HUMAN
no	979	0,00044852	7301	TYRO3 BYK DTQ06418	TYRO3_HUMAN
no	980	0,00049625	353500	BMP8A Q7Z5Y6	BMP8A_HUMAN
no	981	0,00033792	7293	TNFRSF4 TXGFP43489	TNFRSF4_HUMAN
no	982	0,00047992	139716	GAB3 Q8WWW8	GAB3_HUMAN
no	983	0,00068417	5972	REN P00797	REN_HUMAN
no	984	0,00119007	931	MS4A1 CD20 P11836	CD20_HUMAN
no	985	0,00065166	79574	EPS8L3 EPS8R Q8TE67	EPS8L3_HUMAN
no	986	0,0004788	2069	EREG O14944	EREG_HUMAN
no	987	0,00048532	7006	TEC PSCTK4 P42680	TEC_HUMAN
no	988	0,00042952	387914	SHISA2 C13orf1 Q6UWI4	SHISA2_HUMAN
no	989	0,0007206	63976	PRDM16 KIAA Q9HAZ2	PRDM16_HUMAN
no	990	0,00043274	1789	DNMT3B Q9UBC3	DNMT3B_HUMAN
no	991	0,00077082	2625	GATA3 P23771	GATA3_HUMAN
no	992	0,00029278	5028	P2RY1 P47900	P2RY1_HUMAN
no	993	0,00040746	655	BMP7 OP1 P18075	BMP7_HUMAN
no	994	0,00065705	864	RUNX3 AML2 Q13761	RUNX3_HUMAN
no	995	0,00039491	116844	LRG1 LRG P02750	A2GL_HUMAN
no	996	0,00048953	100507588	TGFBR3L H3BV60	TGFBR3L_HUMAN
no	997	0,00076062	8822	FGF17 UNQ16 O60258	FGF17_HUMAN
no	998	0,00034991	10859	LILRB1 ILT2 LII Q8NHL6	LILRB1_HUMAN
no	999	0,0004145	9220	TIAF1 O95411	TIAF1_HUMAN
no	1000	0,0011412	3483	IGFALS ALS P35858	ALS_HUMAN

no	1001	0,00084029	27159	CHIA	Q9BZP6	CHIA_HUMAN
no	1002	0,00162875	7080	NKX2-1 NKX2-1	P43699	NKX21_HUMAN
no	1003	0,00040808	2250	FGF5	P12034	FGF5_HUMAN
no	1004	0,00034163	29984	RHOD ARHD	O00212	RHOD_HUMAN
no	1005	0,00043961	3747	KCNC2	Q96PR1	KCNC2_HUMAN
no	1006	0,00100383	2691	GHRH GHRF	P01286	SLIB_HUMAN
no	1007	0,00071225	4988	OPRM1 MOR1	P35372	OPRM_HUMAN
no	1008	0,00033911	53834	FGFRL1 FGFR5	Q8N441	FGRL1_HUMAN
no	1009	0,00047802	9052	GPRC5A GPCR	Q8NFJ5	RAI3_HUMAN
no	1010	0,00044621	54869	EPS8L1 DRC3	Q8TE68	ES8L1_HUMAN
no	1011	0,00066808	9241	NOG	Q13253	NOGG_HUMAN
no	1012	0,0004585	10563	CXCL13 BCA1	O43927	CXL13_HUMAN
no	1013	0,00044566	55612	FERMT1 C20orf10	Q9BQL6	FERM1_HUMAN
no	1014	0,00056542	9048	ARTN EVN	Q5T4W7	ARTN_HUMAN
no	1015	0,00050568	7291	TWIST1 BHLHE40	Q15672	TWST1_HUMAN
no	1016	0,00074547	79801	SHCBP1	Q8NEM2	SHCBP_HUMAN
no	1017	0,00031885	653361	NCF1 NOXO2	P14598	NCF1_HUMAN
no	1018	0,00075943	2672	GFI1 ZNF163	Q99684	GFI1_HUMAN
no	1019	0,00069094	117166	WFIKKN1 C16orf10	Q96NZ8	WFKN1_HUMAN
no	1020	0,00037843	2066	ERBB4 HER4	Q15303	ERBB4_HUMAN
no	1021	0,00033404	27006	FGF22 UNQ25	Q9HCT0	FGF22_HUMAN
no	1022	0,00047057	338	APOB	P04114	APOB_HUMAN
no	1023	0,00061634	10637	LEFTY1 LEFTB	O75610	LFTY1_HUMAN
no	1024	0,00039573	65997	RASL11B	Q9BPW5	RSLBB_HUMAN
no	1025	0,00043037	4916	NTRK3 TRKC	Q16288	NTRK3_HUMAN
no	1026	0,00026246	5648	MASP1 CRARF	P48740	MASP1_HUMAN
no	1027	0,00031606	2660	MSTN GDF8	O14793	GDF8_HUMAN
no	1028	0,00036264	729230	CCR2 CMKBR2	P41597	CCR2_HUMAN
no	1029	0,00033789	150946	GAREM2 FAM	Q75VX8	GARE2_HUMAN
no	1030	0,00042572	8483	CILP UNQ602	O75339	CILP1_HUMAN
no	1031	0,00083324	11061	CNMD CHMI1	O75829	CNMD_HUMAN
no	1032	0,00062576	627	BDNF	P23560	BDNF_HUMAN
no	1033	0,00038483	5008	OSM	P13725	ONCM_HUMAN
no	1034	0,00050534	93649	MYOCD MYOCD	Q8IZQ8	MYCD_HUMAN
no	1035	0,00025036	375387	NRROS LRRC3	Q86YC3	LRC33_HUMAN
no	1036	0,00076948	23769	FLRT1 UNQ75	Q9NZU1	FLRT1_HUMAN
no	1037	0,00018215	2661	GDF9	O60383	GDF9_HUMAN
no	1038	0,00049278	2147	F2	P00734	THRB_HUMAN
no	1039	0,00071662	6664	SOX11	P35716	SOX11_HUMAN
no	1040	0,00034945	202309	GAPT C5orf29	Q8N292	GAPT_HUMAN
no	1041	0,00027837	3589	IL11	P20809	IL11_HUMAN
no	1042	0,00025544	53358	SHC3 NSHC SHC3	Q92529	SHC3_HUMAN
no	1043	0,00056978	4486	MST1R PTK8	FQ04912	RON_HUMAN
no	1044	0,00033518	2099	ESR1 ESR NR3	P03372	ESR1_HUMAN
no	1045	0,0003423	9047	SH2D2A SCAP	Q9NP31	SH22A_HUMAN
no	1046	0,00022315	10644	IGF2BP2 IMP2	Q9Y6M1	IF2B2_HUMAN
no	1047	0,00046916	9971	NR1H4 BARF1	Q96RI1	NR1H4_HUMAN
no	1048	0,00042031	5340	PLG	P00747	PLMN_HUMAN
no	1049	0,0005596	9370	ADIPOQ ACDC	Q15848	ADIPO_HUMAN
no	1050	0,00021798	23529	CLCF1 BSF3	CIQ9UBD9	CLCF1_HUMAN

no	1051	0,00046548	651 BMP3 BMP3A P12645	BMP3_HUMA
no	1052	0,00022149	3694 ITGB6 P18564	ITB6_HUMAN
no	1053	0,0002738	10642 IGF2BP1 CRDE Q9NZI8	IF2B1_HUMAI
no	1054	0,00068717	6375 XCL1 LTN SCY P47992	XCL1_HUMAN
no	1055	0,00047592	222584 FAM83B C6or Q5T0W9	FA83B_HUMA
no	1056	0,00021978	147920 IGFL2 UNQ64 Q6UWQ7	IGFL2_HUMAI
yes	1057	0,00025417	658 BMPR1B O00238	BMR1B_HUM
no	1058	0,00039571	222663 SCUBE3 CEGF Q8IX30	SCUB3_HUMAF
no	1059	0,00028568	4435 CITED1 MSG1 Q99966	CITE1_HUMAI
no	1060	0,00022355	5753 PTK6 BRK Q13882	PTK6_HUMAN
no	1061	0,00014937	660 BMX P51813	BMX_HUMAN
no	1062	0,00029543	2255 FGF10 O15520	FGF10_HUMA
no	1063	0,00039784	4842 NOS1 P29475	NOS1_HUMAI
no	1064	0,00011102	4824 NKX3-1 NKX3 Q99801	NKX31_HUMAF
yes	1065	0,00025514	4036 LRP2 P98164	LRP2_HUMAN
no	1066	0,00041615	80326 WNT10A Q9GZT5	WN10A_HUM
no	1067	0,00035308	8549 LGR5 GPR49 C Q75473	LGR5_HUMAN
no	1068	0,00029393	64399 HHIP HIP UNC Q96QV1	HHIP_HUMAN
no	1069	0,00012258	10251 SPRY3 O43610	SPY3_HUMAN
yes	1070	0,00027222	2535 FZD2 NA	NA
no	1071	0,00039217	4908 NTF3 P20783	NTF3_HUMAN
no	1072	0,00017454	4803 NGF NGFB P01138	NGF_HUMAN
no	1073	0,0002123	3592 IL12A NKSF1 P29459	IL12A_HUMAI
no	1074	0,00039766	1440 CSF3 C17orf3 P09919	CSF3_HUMAN
no	1075	0,00065818	2253 FGF8 AIGF P55075	FGF8_HUMAN
no	1076	0,00029705	7472 WNT2 INT1L1 P09544	WNT2_HUMA
no	1077	0,0002395	3817 KLK2 P20151	KLK2_HUMAN
no	1078	0,00045913	4058 LTK TYK1 P29376	LTK_HUMAN
no	1079	0,00017846	203100 HTRA4 P83105	HTRA4_HUMAF
no	1080	0,00018808	392255 GDF6 BMP13 Q6KF10	GDF6_HUMAI
no	1081	0,00036514	64102 TNMD CHM1L Q9H2S6	TNMD_HUMA
no	1082	0,00040898	374918 IGFL1 UNQ64 Q6UW32	IGFL1_HUMAI
no	1083	0,00018108	151449 GDF7 Q7Z4P5	GDF7_HUMAI
yes	1084	0,00017119	11211 FZD10 NA	NA
no	1085	0,00028729	939 CD27 TNFRSF P26842	CD27_HUMAN
no	1086	0,00017467	2322 FLT3 CD135 FIP36888	FLT3_HUMAN
no	1087	0,00017799	3273 HRG P04196	HRG_HUMAN
no	1088	0,00017601	653 BMP5 P22003	BMP5_HUMA
no	1089	0,00021365	10568 SLC34A2 O95436	NPT2B_HUMAF
no	1090	0,00019049	84466 MEGF10 KIAA Q96KG7	MEG10_HUM
no	1091	0,00018354	1270 CNTF P26441	CNTF_HUMAN
no	1092	9,42E-05	6997 TDGF1 CRIPTC P13385	TDGF1_HUMAF
no	1093	8,63E-05	284417 TMEM150B TIA6NC51	T150B_HUMA
no	1094	0,00012503	22943 DKK1 UNQ49 Q094907	DKK1_HUMAN
no	1095	0,00013593	2348 FOLR1 FOLR P15328	FOLR1_HUMA
no	1096	0,00016079	8817 FGF18 UNQ42 O76093	FGF18_HUMA
no	1097	0,00018753	238 ALK Q9UM73	ALK_HUMAN
no	1098	0,00031094	3952 LEP OB OBS P41159	LEP_HUMAN
no	1099	0,00020589	55532 SLC30A10 ZNT1 Q6XR72	ZNT10_HUMAF
no	1100	0,0001033	2277 VEGFD FIGF O43915	VEGFD_HUMAF



no	1101	8,31E-05	10718	NRG3	P56975	NRG3_HUMA
no	1102	0,00013729	55576	STAB2 FEEL2 FQ8WWQ8		STAB2_HUMA
no	1103	9,48E-05	4352	MPL TPOR	P40238	TPOR_HUMA
no	1104	0,00018809	284340	CXCL17 VCC1	Q6UXB2	CXL17_HUMA
no	1105	9,79E-05	6899	TBX1	O43435	TBX1_HUMAN
no	1106	0,0001646	3565	IL4	P05112	IL4_HUMAN
no	1107	8,00E-05	134	ADORA1	P30542	AA1R_HUMA
no	1108	0,00015843	4985	OPRD1 OPRD	P41143	OPRD_HUMA
no	1109	0,00010892	4914	NTRK1 MTC T	P04629	NTRK1_HUM
no	1110	6,51E-05	2303	FOXC2 FKHL1	Q99958	FOXC2_HUM
no	1111	0,00018537	7448	VTN	P04004	VTNC_HUMA
no	1112	0,00025801	4909	NTF4 NTF5	P34130	NTF4_HUMAN
no	1113	7,71E-05	2015	ADGRE1 EMR	Q14246	AGRE1_HUM
no	1114	6,99E-05	255738	PCSK9 NARC1	Q8NBP7	PCSK9_HUMA
no	1115	0,00010649	284654	RSPO1	Q2MKA7	RSPO1_HUM
no	1116	7,65E-05	415117	STX19	Q8N4C7	STX19_HUMA
no	1117	0,00010124	4878	NPPA ANP PN	P01160	ANF_HUMAN
yes	1118	0,00018924	8326	FZD9	NA	NA
no	1119	4,77E-05	26281	FGF20	Q9NP95	FGF20_HUMA
no	1120	6,67E-05	6863	TAC1 NKA NKIP	P20366	TKN1_HUMA
no	1121	7,69E-05	269	AMHR2 AMHF	Q16671	AMHR2_HUM
no	1122	3,69E-05	84658	ADGRE3 EMR	Q9BY15	AGRE3_HUM
no	1123	0,00014716	9982	FGFBP1 FGFB	Q14512	FGFP1_HUMA
no	1124	0,00013505	3558	IL2	P60568	IL2_HUMAN
no	1125	5,10E-05	493829	TRIM72 MG5	Q6ZMU5	TRI72_HUMA
no	1126	0,00010004	1437	CSF2 GMCSF	P04141	CSF2_HUMAN
no	1127	0,00011886	2220	FCN2 FCNL	Q15485	FCN2_HUMA
no	1128	4,93E-05	50943	FOXP3 IPEX JM	Q9BZS1	FOXP3_HUMA
no	1129	4,57E-05	3604	TNFRSF9 CD1	Q07011	TNR9_HUMA
no	1130	0,0001418	5076	PAX2	Q02962	PAX2_HUMA
no	1131	4,62E-05	8200	GDF5 BMP14	P43026	GDF5_HUMA
no	1132	2,94E-05	345193	LRIT3	Q3SXY7	LRIT3_HUMA
no	1133	0,0001445	3641	INSL4	Q14641	INSL4_HUMA
no	1134	4,85E-05	356	FASLG APT1L	P48023	TNFL6_HUMA
no	1135	5,22E-05	943	TNFRSF8 CD3	P28908	TNR8_HUMA
no	1136	7,57E-05	5148	PDE6G PDEG	P18545	CNRG_HUMA
no	1137	6,13E-05	131405	TRIM71 LIN41	Q2Q1W2	LIN41_HUMA
no	1138	5,98E-05	8909	ENDOU	P21128	ENDOU_HUM
no	1139	0,00011881	2689	GH2	P01242	SOM2_HUMA
no	1140	3,95E-05	2668	GDNF	P39905	GDNF_HUMA
no	1141	4,39E-05	63978	PRDM14	Q9GZV8	PRD14_HUM
no	1142	4,71E-05	3596	IL13 NC30	P35225	IL13_HUMAN
no	1143	8,12E-05	124857	WFIKKN2 GAS	Q8TEU8	WFKN2_HUM
no	1144	8,33E-05	336	APOA2	P02652	APOA2_HUM
no	1145	5,35E-05	388555	IGFL3 UNQ48	Q6UXB1	IGFL3_HUMA
no	1146	3,65E-05	3567	IL5	P05113	IL5_HUMAN
no	1147	2,33E-05	84985	FAM83A TSGF	Q86UY5	FA83A_HUMA
no	1148	2,09E-05	255324	EPGN UNQ30	Q6UW88	EPGN_HUMA
no	1149	2,43E-05	5149	PDE6H	Q13956	CNCG_HUMA
no	1150	5,84E-05	1149	CIDEA	O60543	CIDEA_HUMA

no	1151	4,82E-05	3827 KNG1 BDK KN P01042	KNG1_HUMAI
no	1152	2,05E-05	7066 THPO MGDF P40225	TPO_HUMAN
no	1153	4,22E-05	9965 FGF19 UNQ33 O95750	FGF19_HUMA
no	1154	2,59E-05	84432 PROK1 UNQ6( P58294	PROK1_HUM/
no	1155	4,39E-05	3359 HTR3A 5HT3R P46098	5HT3A_HUM/
no	1156	5,43E-05	652991 SKOR2 CORL2 Q2VWA4	SKOR2_HUM/
no	1157	2,48E-05	2693 GHSR Q92847	GHSR_HUMAI
no	1158	3,62E-05	3552 IL1A IL1F1 P01583	IL1A_HUMAN
no	1159	2,15E-05	3083 HGFAc Q04756	HGFA_HUMAI
no	1160	2,30E-05	7044 LEFTY2 EBAF L O00292	LFTY2_HUMA
no	1161	1,61E-05	7476 WNT7A O00755	WNT7A_HUM
no	1162	1,58E-05	3593 IL12B NKSF2 P29460	IL12B_HUMAI
no	1163	1,25E-05	8928 FOXH1 FAST1 O75593	FOXH1_HUM/
no	1164	1,63E-05	9573 GDF3 UNQ22( Q9NR23	GDF3_HUMAI
no	1165	2,21E-05	354 KLK3 APS P07288	KLK3_HUMAN
no	1166	1,84E-05	3626 INHBC P55103	INHBC_HUMA
no	1167	1,05E-05	10887 PROKR1 GPR7 Q8TCW9	PKR1_HUMAN
no	1168	1,60E-05	2688 GH1 P01241	SOMA_HUMA
no	1169	2,86E-05	3562 IL3 P08700	IL3_HUMAN
no	1170	1,32E-05	8471 IRS4 O14654	IRS4_HUMAN
no	1171	9,26E-06	8823 FGF16 O43320	FGF16_HUMA
no	1172	8,99E-06	2488 FSHB P01225	FSHB_HUMAN
no	1173	1,56E-05	26291 FGF21 UNQ31 Q9NSA1	FGF21_HUMA
no	1174	5,47E-06	5015 OTX2 P32243	OTX2_HUMAI
no	1175	4,25E-06	116519 APOA5 RAP3 I Q6Q788	APOA5_HUM/
no	1176	5,49E-06	112744 IL17F Q96PD4	IL17F_HUMAI
no	1177	3,88E-06	5449 POU1F1 GHF1 P28069	PIT1_HUMAN
no	1178	3,94E-06	7356 SCGB1A1 CC1( P11684	UTER_HUMAI
no	1179	3,72E-06	2251 FGF6 HST2 HS P10767	FGF6_HUMAN
no	1180	2,98E-06	2248 FGF3 INT2 P11487	FGF3_HUMAN
no	1181	2,96E-06	4838 NODAL Q96S42	NODAL_HUM,
no	1182	1,62E-06	27302 BMP10 O95393	BMP10_HUM,
no	1183	2,23E-06	1443 CSH2 P0DML3	CSH2_HUMAI
no	1184	1,27E-06	8074 FGF23 HYPF U Q9GZV9	FGF23_HUMA
no	1185	2,22E-06	1444 CSHL1 CSHP1 Q14406	CSHL_HUMAN
no	1186	1,49E-06	859 CAV3 P56539	CAV3_HUMAI
no	1187	1,03E-06	5741 PTH P01270	PTHY_HUMAI
no	1188	7,16E-07	7471 WNT1 INT1 P04628	WNT1_HUMA
no	1189	7,16E-07	341152 OR2AT4 A6NND4	O2AT4_HUM/
no	1190	0	10816 SPINT3 P49223	SPIT3_HUMAI
no	1191	0	128954 GAB4 Q2WGN9	GAB4_HUMAI
no	1192	0	1442 CSH1 P0DML2	CSH1_HUMAI
no	1193	0	2249 FGF4 HST HST P08620	FGF4_HUMAN
no	1194	0	3578 IL9 P15248	IL9_HUMAN
no	1195	0	9210 BMP15 GDF9( O95972	BMP15_HUM,

UNIPROT\_PRC ensembl\_gene GeneSymbol  
 Elongation factor ENSG0000015 EEF1A1  
 Guanine nucleotide-binding protein ENSG0000008 GNAS  
 Clusterin (Aggrecan) ENSG0000012 CLU  
 Polyubiquitin-1 ENSG0000015 UBC  
 Insulin [Cleavage product] ENSG0000025 INS  
 Polyubiquitin-2 ENSG0000017 UBB  
 40S ribosomal protein S2 ENSG0000014 RPS2  
 Receptor of alpha-1-microglobulin ENSG0000020 RACK1  
 Ubiquitin-40S ENSG0000014 RPS27A  
 E3 ubiquitin-protein complex ENSG0000006 NEDD4  
 SPARC (Basophilic chondroitin sulfate proteoglycan) ENSG0000011 SPARC  
 Lithostathine-1 ENSG0000011 REG1A  
 Endoplasmic reticulum protein 90B ENSG0000016 HSP90B1  
 40S ribosomal protein S3 ENSG0000014 RPS3  
 Heat shock protein 90A family class B member 1 ENSG0000009 HSP90AB1  
 Kunitz-type protease inhibitor 2 ENSG0000016 SPINT2  
 CD63 antigen ENSG0000013 CD63  
 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 ENSG0000013 HNRNPA1  
 Heat shock protein 90A family class A member 1 ENSG0000008 HSP90AA1  
 Vimentin ENSG0000002 VIM  
 Insulin-like growth factor binding protein 2 ENSG0000011 IGFBP2  
 Ubiquitin-60S ENSG0000022 UBA52  
 Integrin beta-1 ENSG0000015 ITGB1  
 Amyloid-beta precursor protein ENSG0000014 APP  
 Collagen alpha-1(I) ENSG0000016 COL3A1  
 Protein disulfide isomerase P4H domain-containing protein 1 ENSG0000018 P4HB  
 Fibrinogen alpha-1 chain ENSG0000017 FGA  
 Protein BEX1 (BEX1) ENSG0000013 BEX1  
 Angiotensinogen ENSG0000013 AGT  
 X-box-binding protein 1 ENSG0000010 XBP1  
 Insulin-like growth factor binding protein 3 ENSG0000014 IGFBP3  
 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H1 ENSG0000016 HNRNPH1  
 Collagen alpha-1(I) ENSG0000016 COL1A2  
 Stathmin (Leucine aminopeptidase inhibitor 1) ENSG0000011 STMN1  
 Alpha-2-macroglobulin ENSG0000016 LRPAP1  
 Fibronectin (Fibronectin type 1) ENSG0000011 FN1  
 Protein S100-γ ENSG0000019 S100A6  
 Membrane cofactor protein 1 ENSG0000011 CD46  
 TSC22 domain-containing protein 1 ENSG0000010 TSC22D1  
 Glucose-6-phosphate dehydrogenase ENSG0000010 GPI  
 Secretogranin 3 ENSG0000010 SCG3  
 Neurosecretory protein 12 ENSG0000012 VGF  
 Y-box-binding protein 1 ENSG0000006 YBX1  
 Proenkephalin A ENSG0000018 PENK  
 Protein BEX3 (BEX3) ENSG0000016 BEX3  
 Interferon alpha-6 ENSG0000012 IFI6  
 Dynein light chain 1 ENSG0000008 DYNLL1  
 Collagen alpha-1(I) ENSG0000010 COL1A1  
 ERBB receptor ENSG0000011 ERRF1

Transforming ENSG0000006 RHOA  
Splicing factor ENSG0000011 SFPQ  
Renin recepto ENSG0000018 ATP6AP2  
Heterogeneous ENSG0000015 HNRNPU  
Nucleolin (Pro ENSG0000011 NCL  
Retrotranspos ENSG0000024 PEG10  
Endoplasmic r ENSG0000004 HSPA5  
CCN family m ENSG0000011 CCN2  
Proto-oncoge ENSG0000017 FOS  
Alpha-2-macr ENSG0000017 A2M  
Cell division c ENSG0000007 CDC42  
Periostin (PN) ENSG0000013 POSTN  
Vascular endo ENSG0000011 VEGFA  
AN1-type zinc ENSG000001C ZFAND5  
Heat shock 70 ENSG000002C HSPA1B  
Collagen alph ENSG0000018 COL4A1  
Heat shock 70 ENSG000002C HSPA1A  
Protein Wnt-4 ENSG000001E WNT4  
Actin-related j ENSG0000011 ARPC3  
Dual specificit ENSG0000012 DUSP1  
Melanoma-as ENSG0000017 MAGED1  
Thrombospon ENSG0000013 THBS1  
Keratin, type I ENSG0000017 KRT8  
Catenin beta-1 ENSG000001E CTNNB1  
Heat shock pr ENSG000001C HSPB1  
Sequestosom ENSG000001E SQSTM1  
Annexin A2 (A ENSG0000018 ANXA2  
Ras-related C ENSG0000013 RAC1  
Fibroblast gro ENSG0000007 FGFR1  
Neuroplastin ( ENSG0000015 NPTN  
Kinectin (CG-1 ENSG0000012 KTN1  
Protein disulfi ENSG0000014 PDIA6  
Calcitonin [C ENSG0000011 CALCA  
Rho-related G ENSG0000014 RHOB  
Glucosidase 2 ENSG0000013 PRKCSH  
Transcription ENSG0000017 JUNB  
Cbp/p300-int ENSG000001E CITED2  
Focal adhesio ENSG000001E PTK2  
Interleukin-6 r ENSG0000013 IL6ST  
Amyloid-like p ENSG0000008 APLP2  
Neudesin (Cel ENSG0000011 NENF  
Collagen alph ENSG0000013 COL4A2  
Microtubule-2 ENSG0000013 MAP1B  
Annexin A6 (6 ENSG0000015 ANXA6  
Signal transdu ENSG000001E STAT3  
AP-2 complex ENSG000001E AP2M1  
14-3-3 proteir ENSG0000012 YWHAH  
Transitional e ENSG000001E VCP  
Nck-associate ENSG0000006 NCKAP1  
Epithelial disc ENSG000002C DDR1

Galectin-1 (Gal-1) ENSG0000010111 LGALS1  
Glutathione S-transferase gamma 1 ENSG0000000888 GSTP1  
Hypoxia-inducible factor 1A ENSG0000010112 HIF1A  
CD44 antigen ENSG0000000202 CD44  
Golgi apparatus protein 1 ENSG0000000909 GLG1  
RNA-binding protein 18 ENSG0000010118 EWSR1  
ADP-ribosyltransferase 4 ENSG0000010116 ARF4  
Nephronectin ENSG0000010116 NPNT  
Serine/threonine phosphatase 18C ENSG0000010118 PPP1CC  
Laminin subunit gamma 1 ENSG0000000909 LAMB1  
Midkine (MK) ENSG0000010111 MDK  
Peptidyl-prolyl isomerase 1A ENSG0000000888 FKBP1A  
Transcription factor 28 ENSG0000010113 TRIM28  
Protein BEX4 ENSG0000010111 BEX4  
Ras GTPase-activating protein 14 ENSG0000010114 IQGAP1  
Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 ENSG0000000909 HNRNPM  
Nuclear receptor corepressor 1 ENSG0000010114 NCOR1  
Elongin-B (EloB) ENSG0000010111 ELOB  
Mothers against decapentaplegic 2 ENSG0000010117 SMAD2  
Plasminogen activator inhibitor 1C ENSG0000010111 SERPINE1  
Programmed cell death 6 ENSG0000010114 PDCD6  
Nucleolin ENSG0000010111 TIA1  
Protein BRICK ENSG0000010111 BRK1  
14-3-3 protein gamma 17 ENSG0000010117 YWHAG  
Insulin-like growth factor binding protein 4 ENSG0000010114 IGFBP4  
Serine protease 16 ENSG0000010116 HTRA1  
Homeobox protein 2 ENSG0000010113 MEIS2  
Syntenin-1 (MICAL2) ENSG0000010113 SDCBP  
Polypyrimidine tract-binding protein 1 ENSG0000000101 PTBP1  
RAC-guanine nucleotide exchange factor 3 ENSG0000010111 AKT3  
Thioredoxin-like protein 4A ENSG0000010114 TXNL4A  
Nuclear receptor corepressor 4A1 ENSG0000010112 NR4A1  
Charged multivesicular body protein 5 ENSG0000000888 CHMP5  
AP-2 complex subunit 1B ENSG0000000101 AP2B1  
Phosphatidylinositol 3-kinase related protein 17 ENSG0000010117 PTEN  
Serotransferrin ENSG0000000909 TF  
Fibrinogen gamma 1 ENSG0000010117 FGG  
Adhesion G-protein-coupled receptor 1 ENSG0000000202 ADGRG1  
Nardilysin (EC 3.4.21.10) ENSG0000000707 NRDC  
Charged multivesicular body protein 3 ENSG0000010111 CHMP3  
Leucine-rich repeat-containing protein 12 ENSG0000010112 LRRFIP1  
Insulin-like growth factor binding protein 5 ENSG0000010111 IGFBP5  
Apolipoprotein E3 ENSG0000010113 APOE  
Rho guanine nucleotide exchange factor 12 ENSG0000010115 ARHGEF12  
Integrin alpha 1 ENSG0000000201 ITGA1  
Dynamin-2 (EpsA) ENSG0000000707 DNAM2  
Zinc finger MYND domain-containing protein 2 ENSG0000010112 ZMYM2  
Insulin receptor ENSG0000010117 INSR  
Hepatoma-derived growth factor ENSG0000010114 HDGF  
Ataxin-2 (Spinocerebellar ataxia 2) ENSG0000000202 ATXN2

Serine-threon ENSG0000002 STRAP  
Syndecan-2 (S ENSG000001€ SDC2  
Casein kinase ENSG000002C CSNK2B  
CASP8 and FA ENSG000000C CFLAR  
Mothers agair ENSG0000014 SMAD4  
Probable ubiq ENSG0000012 USP9X  
Delta and Not ENSG000001€ DNER  
Legumain (EC ENSG000001C LGMN  
Peptidyl-proly ENSG0000012 PIN1  
Heterogeneol ENSG000001€ HNRNPF  
Copine-3 (Cop ENSG000000€ CPNE3  
Tyrosine-prot ENSG0000017 PTPN11  
U2 snRNP-ass ENSG000001€ U2SURP  
Epidermal gro ENSG000000€ EPS15  
PC4 and SFRS: ENSG000001€ PSIP1  
28 kDa heat- € ENSG000001C PDAP1  
Vascular endo ENSG0000017 VEGFB  
TP53-binding | ENSG000000€ TP53BP1  
Neuropilin-1 ( ENSG000000€ NRP1  
Beclin-1 (Coile ENSG0000012 BECN1  
Complement ( ENSG0000012 C3  
Integrin alpha ENSG0000013 ITGAV  
Annexin A1 (A ENSG0000013 ANXA1  
E3 ubiquitin-p ENSG0000013 MDM2  
DNA-directed ENSG0000014 POLR2K  
Src substrate ( ENSG000000€ CTTN  
Programmed ( ENSG000001C PDCD5  
Plexin-B1 (Sen ENSG000001€ PLXNB1  
Nucleoproteir ENSG0000004 TPR  
Transcription ( ENSG0000017 JUN  
DNA-directed ENSG0000004 POLR2B  
Transport and ENSG0000015 MIA3  
Rho-associate ENSG000000€ ROCK1  
RAC-alpha ser ENSG0000014 AKT1  
Sorting nexin- ENSG000002C SNX2  
Kinase D-inter ENSG0000013 KIDINS220  
E3 ubiquitin-p ENSG000001C NEURL1  
Unconvention ENSG000001C URI1  
Growth factor ENSG000001C GRB10  
Large proline- ENSG000002C BAG6  
General trans( ENSG0000012 GTF2F1  
Protein sprout ENSG000001€ SPRY1  
Serine/threon ENSG0000001 PPP5C  
Furin (EC 3.4.2 ENSG0000014 FURIN  
Chloride intra( ENSG000001€ CLIC4  
Protein phosp ENSG000001C PPM1A  
TGF-beta rece ENSG000001C TGFBR1  
RAC-beta seri( ENSG000001C AKT2  
Laminin subur ENSG0000013 LAMC1  
Mothers agair ENSG0000011 SMAD5

GRB10-interact ENSG000002C GIGYF2  
Histone deace ENSG0000011 HDAC1  
Tuberin (Tube ENSG000001C TSC2  
Sorting nexin- ENSG0000002 SNX1  
Early growth r ENSG0000012 EGR1  
Thyroid recep ENSG000001C TRIP11  
CLIP-associati ENSG000001E CLASP2  
Klotho (EC 3.2 ENSG0000013 KL  
CD320 antigen ENSG000001E CD320  
Poly [ADP-ribc ENSG0000014 PARP1  
Insulin gene e ENSG0000001 ISL1  
Ezrin (Cytovilli ENSG000000S EZR  
Vascular endo ENSG000001C FLT1  
Homeodomai ENSG000000E HIPK2  
Latent-transfc ENSG000001E LTBP3  
Death-associa ENSG000001S DAPK1  
Nucleolysin TI ENSG0000015 TIAL1  
Arf-GAP with r ENSG0000011 ACAP2  
Insulin-like grc ENSG0000014 TMEM219  
Mitogen-activ ENSG000001C MAPK1  
Huntingtin-int ENSG0000013 HIP1R  
Ribosomal prc ENSG0000017 RPS6KA3  
Intraflagellar t ENSG000001C IFT20  
E3 ubiquitin-p ENSG0000007 ITCH  
Pumilio homo ENSG0000013 PUM1  
Dual specificit ENSG000001C DUSP3  
Protein NDRG ENSG000001C NDRG4  
Kunitz-type pr ENSG000001E SPINT1  
SNW domain- ENSG000001C SNW1  
Cyclic AMP-de ENSG0000011 ATF2  
Histone deace ENSG000001C HDAC5  
Asporin (Perio ENSG000001C ASPN  
Vacuolar prot ENSG0000013 VPS25  
Disintegrin an ENSG0000013 ADAM10  
DNA-directed ENSG000001E POLR2A  
Calcium signal ENSG000001E CAMLG  
72 kDa type I\ ENSG000000E MMP2  
DNA-directed ENSG000000S POLR2E  
DCC-interactir ENSG0000013 APPL2  
TGF-beta rece ENSG000001E TGFBR2  
Integrin-linker ENSG000001E ILK  
Sorting nexin- ENSG0000012 SNX6  
Protein CREG1 ENSG0000014 CREG1  
RanBP-type ar ENSG0000012 RBCK1  
Pogo transpos ENSG0000014 POGZ  
Erbin (Densin- ENSG0000011 ERBIN  
EGF-containin ENSG0000011 EFEMP1  
DNA-directed ENSG000001C POLR2C  
RNA binding p ENSG000001C RBFOX2  
Protein BEX5 I ENSG000001E BEX5

Basement me ENSG0000014 HSPG2  
Signal transdu ENSG0000011 STAT1  
Coagulation fa ENSG0000019 F5  
Protein farnes ENSG0000016 FNTA  
Phosphatidylil ENSG0000014 PIK3R1  
DNA-directed ENSG000001C POLR2I  
Growth factor ENSG0000017 GRB2  
Ubiquitin carb ENSG0000013 USP15  
Enhancer of fi ENSG0000011 NEDD9  
Sortilin (100 k ENSG0000013 SORT1  
Extracellular s ENSG0000013 SULF1  
Dickkopf-relat ENSG0000005 DKK3  
Leucine-rich r ENSG000001C SHOC2  
Signal transdu ENSG0000017 STAT5B  
Tight junction ENSG000001C TJP1  
Band 4.1-like j ENSG0000011 EPB41L5  
E3 ubiquitin-p ENSG000001C STUB1  
NA NA NA  
Histone deace ENSG0000019 HDAC2  
Anterior gradi ENSG000001C AGR2  
Ras-related pr ENSG0000011 RAB14  
ADP-ribosylati ENSG0000016 ARF6  
Histone deace ENSG0000009 HDAC6  
Integrin alpha ENSG0000009 ITGA6  
Rho guanine r ENSG000001C ARHGEF7  
Prolow-densit ENSG0000012 LRP1  
Bifunctional h ENSG0000007 NDST1  
Rab GTPase-b ENSG0000002 RABEP1  
Latent-transfc ENSG0000009 LTBP4  
Paxillin ENSG0000008 PXN  
Platelet-deriv ENSG0000011 PDGFRB  
Engulfment ar ENSG0000015 ELMO1  
Regulator of c ENSG000001C RGCC  
Serine/threon ENSG0000011 SGK1  
KN motif and : ENSG000001C KANK1  
E3 SUMO-pro ENSG0000011 ZNF451  
Rap guanine n ENSG000001C RAPGEF2  
Cyclin-depend ENSG0000011 CDKN1B  
Junctional adf ENSG0000015 F11R  
Elongin-C (Elo ENSG0000015 ELOC  
PH-interactin ENSG0000014 PHIP  
Cullin-1 (CUL- ENSG0000005 CUL1  
Ski-like protei ENSG0000013 SKIL  
Tyrosine-prot ENSG0000012 PTPN12  
Kinesin-like pr ENSG0000005 KIF1B  
Ubiquitin carb ENSG0000013 USP8  
Sortilin-relate ENSG0000013 SORL1  
Fibulin-1 (FIBL ENSG0000007 FBLN1  
Neuronal rege ENSG0000013 NREP  
Alpha-(1,6)-fu ENSG0000003 FUT8



Collagen alpha1 ENSG0000018 COL18A1  
Laminin subunit ENSG0000017 LAMB2  
Neurexin-1-beta ENSG0000017 NRXN1  
Disintegrin and ENSG0000016 ADAM9  
Sorting nexin- ENSG0000008 SNX5  
Tyrosine-protein ENSG0000001 FYN  
Cytoskeleton- ENSG0000013 CKAP4  
COP9 signalosome ENSG0000012 COPS5  
Alpha-taxilin ENSG0000008 TXLNA  
Glucocorticoid ENSG0000011 NR3C1  
Pleckstrin homologue ENSG0000010 PLEKHA1  
Growth arrest ENSG0000018 GAS6  
Cysteine-rich protein ENSG0000015 CRIM1  
Integrin beta-1 ENSG0000008 ITGB5  
DNA-directed ENSG0000010 POLR2F  
Probable helicase ENSG0000010 SETX  
Unconventional ENSG0000019 MYO1C  
Rapamycin-inhibitor ENSG0000016 RICTOR  
DNA replication ENSG0000016 MCM7  
Epidermal growth ENSG0000017 EGFL7  
DCC-interacting ENSG0000015 APPL1  
Epsin-1 (EH domain ENSG0000006 EPN1  
Breast cancer ENSG0000005 BCAR1  
Crk-like protein ENSG0000009 CRKL  
Phospholipid-binding ENSG0000018 PLSCR1  
Golgi reassembly ENSG0000011 GORASP2  
Aryl hydrocarbon ENSG0000010 AHR  
DNA-directed ENSG0000000 POLR2J  
PHD finger protein ENSG0000010 PHF14  
Serrate RNA-binding ENSG0000008 SRRT  
Platelet glycoprotein ENSG0000013 CD36  
Protein NDRG ENSG0000016 NDRG2  
RAF proto-oncogene ENSG0000013 RAF1  
NAD-dependent ENSG0000006 SIRT2  
High affinity calcium ENSG0000007 PDE8A  
Junctional adhesion ENSG0000016 JAM3  
Hepatocyte growth ENSG0000018 HGS  
Growth hormone ENSG0000010 GHRHR  
C-C motif chemokine ENSG0000010 CCL2  
Presenilin-1 (F) ENSG0000008 PSEN1  
E3 ubiquitin-protein ENSG0000018 RNF41  
Heterogeneous ENSG0000013 SYNCRIP  
CREB-binding ENSG0000000 CREBBP  
Nuclear receptor ENSG0000006 RORA  
Tumor susceptibility ENSG0000007 TSG101  
Histone deacetylase ENSG0000017 HDAC3  
Rho-associate ENSG0000013 ROCK2  
Acidic fibroblast ENSG0000017 FIBP  
Coiled-coil domain ENSG0000015 CCDC50  
Protein kinase ENSG0000017 PRKCE

Glycogen synt ENSG0000008 GSK3B  
Ras-related pr ENSG0000014 RAB13  
E3 ubiquitin-p ENSG0000012 HERC2  
Membrane-as ENSG0000018 MAGI2  
LIM domain a| ENSG0000005 LIMA1  
Alpha- and ga| ENSG000001C AAGAB  
Villin-1 ENSG0000012 VIL1  
DNA-directed ENSG0000016 POLR2G  
LIM and senes ENSG0000016 LIMS1  
Ras GTPase-a| ENSG0000014 RASA1  
DNA-directed ENSG0000016 POLR2H  
Protein MTSS ENSG0000013 MTSS2  
Rho guanine r ENSG0000021 ARHGEF28  
PDZ domain-c ENSG0000012 GIPC1  
Plexin-A2 (Ser ENSG0000007 PLXNA2  
Nuclear cap-b ENSG0000011 NCBP2  
Extracellular s ENSG0000019 SULF2  
Caveolin-1 ENSG000001C CAV1  
Endoglin (CD 2| ENSG000001C ENG  
Integrin beta-| ENSG0000011 ITGB1BP1  
Fibrillin-1 [Cle ENSG0000016 FBN1  
Sorting nexin- ENSG0000011 SNX4  
Breakpoint cl| ENSG0000018 BCR  
Vinexin (SH3-c| ENSG0000012 SORBS3  
Cytoplasmic F ENSG0000005 CYFIP2  
Histone-lysine ENSG0000011 KMT2A  
SH3-containin ENSG0000011 SGIP1  
Insulin-like gr| ENSG0000014 IGF1R  
SHC-transform ENSG0000012 SHC2  
Suppressor of ENSG0000018 SOCS3  
Aspartate ami ENSG0000012 GOT1  
Epidermal gro ENSG0000017 EPS8L2  
Paired amphip| ENSG0000016 SIN3A  
Roundabout h| ENSG0000016 ROBO1  
Ras-related pr ENSG0000011 RAP1A  
E3 ubiquitin-p ENSG0000019 TRIM33  
Integrin alpha ENSG000000C ITGA3  
Phosphatidyl| ENSG0000001 PIK3C2A  
ETS-related tr| ENSG0000016 ELF3  
Adenomatous ENSG0000013 APC  
Leukemia inhi ENSG0000011 LIFR  
Tyrosine-prot| ENSG0000017 PTPN2  
mRNA decay 2| ENSG0000015 ZFP36L2  
Nuclear trans| ENSG000001C NUTF2  
Na(+)/H(+) ex| ENSG000001C SLC9A3R1  
Rap guanine n| ENSG000001C RAPGEF1  
GC-rich seque ENSG000000C GCFC2  
Folliculin (BHC| ENSG0000015 FLCN  
Wiskott-Aldric ENSG0000015 WASF2  
DNA-directed ENSG0000017 POLR2L

AP-2 complex ENSG0000019 AP2A1  
 Tyrosine-protr ENSG0000017 YES1  
 Phosphatidylil ENSG0000016 INPPL1  
 Retinoic acid r ENSG0000010 RARRES2  
 Centrosomal ꞑ ENSG0000016 CEP57  
 Sorting nexin- ENSG0000013 SNX9  
 Extracellular s ENSG0000017 FAM20C  
 NEDD4-like E3 ENSG0000012 WWP1  
 Cation-indepe ENSG0000019 IGF2R  
 Calcium and ir ENSG0000018 CIB1  
 Lactadherin (E ENSG0000014 MFGE8  
 Bone morpho; ENSG0000020 BMPR2  
 Serine/threon ENSG0000011 STK11  
 CCR4-NOT tra ENSG0000014 CNOT9  
 Protein Niban ENSG0000013 NIBAN2  
 Protein kinase ENSG0000010 PACSIN2  
 FAS-associate; ENSG0000011 FAF2  
 Fermitin famil ENSG0000007 FERMT2  
 SHC-transform ENSG0000016 SHC1  
 Huntingtin-as; ENSG0000017 HAP1  
 Fibroblast gro ENSG0000016 FRS2  
 DNA-binding ꞑ ENSG0000012 ID1  
 Leucine-rich r; ENSG0000014 LRIG1  
 Arf-GAP with l ENSG0000018 ARAP1  
 Bcl2-associate ENSG0000000 BAD  
 Girdin (Akt ph ENSG0000011 CCDC88A  
 mRNA decay ꞑ ENSG0000018 ZFP36L1  
 Twisted gastr; ENSG0000012 TWSG1  
 MAP kinase-a; ENSG0000016 MAPKAPK2  
 Tyrosine-protr ENSG0000009 ABL1  
 Mitogen-activ ENSG0000010 MAPK3  
 Dual specificit ENSG0000013 DUSP6  
 Transmembra ENSG0000013 GPNMB  
 CD2-associate ENSG0000019 CD2AP  
 Emerin ENSG0000010 EMD  
 Derlin-1 (Degr ENSG0000013 DERL1  
 Dipeptidyl peꞑ ENSG0000019 DPP4  
 Tyrosine-protr ENSG0000015 FER  
 Zinc finger E-b ENSG0000014 ZEB1  
 Signal transdu ENSG0000011 STAM2  
 NA NA NA  
 Tissue factor ( ENSG0000011 F3  
 1-phosphatidy ENSG0000012 PLCG1  
 Cyclic AMP-re ENSG0000011 CREB1  
 C-Jun-amino-t ENSG0000000 MAPK8IP2  
 Hyaluronidase ENSG0000000 HYAL2  
 Engulfment ar ENSG0000000 ELMO2  
 Protein-tyrosi ENSG0000012 PTK2B  
 Son of sevenk; ENSG0000011 SOS1  
 ADAMTS-like ꞑ ENSG0000019 ADAMTSL2

Dedicator of c ENSG0000015 DOCK1  
Myotubularin ENSG000001C MTMR4  
Peroxisome pl ENSG000001C PPARGC1A  
Nuclear pore  $\xi$  ENSG0000021 NUP62  
Interleukin-1 r ENSG0000011 IL1R1  
Endothelial ce ENSG000001E ESM1  
Adapter mole ENSG000001E CRK  
Epithelial splic ENSG000001C ESRP1  
Protein HEG h ENSG0000017 HEG1  
Jupiter microt ENSG000001E JPT1  
RalBP1-associ ENSG0000013 REPS1  
E3 ubiquitin-p ENSG0000011 CBLB  
Sphingosine-1 ENSG000001E SGPL1  
Carcinoembry ENSG0000007 CEACAM1  
3-phosphoino ENSG0000014 PDPK1  
Catalase (EC 1 ENSG0000012 CAT  
1-phosphatidy ENSG000001E PLCB1  
Protein jagged ENSG000001C JAG1  
Serine/threon ENSG000001E PAK2  
Complement r ENSG0000012 CD93  
Opioid growth ENSG000000E OGFR  
Apolipoprotei ENSG000001E APOD  
Receptor-type ENSG0000014 PTPRJ  
Serine/threon ENSG0000017 ERN1  
Zyxin (Zyxin-2 ENSG0000015 ZYX  
Histone acety ENSG0000017 KAT5  
GTPase HRas ( ENSG0000017 HRAS  
Abl interactor ENSG0000013 ABI1  
Tyrosine-prot ENSG000001E PTPN1  
Inhibitor of gr ENSG000001E ING2  
Aryl hydrocarb ENSG0000014 ARNT  
Unconvention ENSG000001E MYO6  
Ribosomal prc ENSG000001C RPS6KB1  
E3 ubiquitin-p ENSG0000015 RNF111  
Early endoson ENSG000001C EEA1  
Ras-related pr ENSG000001E RAB4A  
Serine/threon ENSG0000013 PAK4  
Histone acety ENSG000001C EP300  
Transcription r ENSG000001E SP1  
Rabankyrin-5 ENSG000001E ANKFY1  
Sorting nexin- ENSG000001C SNX25  
Brain-specific ENSG0000017 BAIAP2  
Secretory carr ENSG0000011 SCAMP3  
Receptor tyro ENSG000000E ERBB3  
Leukocyte-ass ENSG0000027 LAIR1  
Tyrosine-prot ENSG0000007 PTPN3  
TSC22 domair ENSG000001E TSC22D4  
E3 ubiquitin-p ENSG000001E SIAH1  
F-box/WD rep ENSG000001C FBXW7  
Tissue-type pl ENSG000001C PLAT

Vascular endo ENSG0000012 KDR  
Ras-related pr ENSG0000016 RAB31  
Growth/differ ENSG0000013 GDF15  
E3 ubiquitin-p ENSG0000004 NEDD4L  
BDNF/NT-3 gr ENSG0000014 NTRK2  
Alpha-1,6-mal ENSG0000015 MGAT5  
Protein AF-9 ( ENSG0000017 MLLT3  
Protrudin (Spa ENSG0000015 ZFYVE27  
Platelet-deriv ENSG0000015 PDGFA  
Plexin-A3 (Ple ENSG0000013 PLXNA3  
Tyrosine-prot ENSG0000009 JAK2  
WW domain-c ENSG0000018 WWOX  
Epidermal gro ENSG0000015 EPS8  
Mitogen-activ ENSG0000011 MAPK14  
AN1-type zinc ENSG0000015 ZFAND2B  
Eukaryotic tra ENSG0000017 EIF2AK3  
Cysteine/serir ENSG0000014 CSRN1  
Complement ( ENSG000001C C5  
SPARC-relatec ENSG0000011 SMOC2  
Zinc finger FY\ ENSG0000015 ZFYVE9  
Serine/threon ENSG0000014 TAOK2  
Latent-transfc ENSG0000004 LTBP1  
Bone morpho ENSG000001C BMPR1A  
Endophilin-A1 ENSG000001C SH3GL2  
Receptor-type ENSG0000015 PTPRK  
Neurabin-2 (N ENSG000001C PPP1R9B  
Latent-transfc ENSG0000011 LTBP2  
Low-density li ENSG0000016 LDLRAD4  
Forkhead box ENSG0000015 FOXO1  
WD repeat-co ENSG000000C WDR54  
Phosphatidyl li ENSG0000011 PIK3R3  
Integrin alpha ENSG0000016 ITGA5  
Suppressor of ENSG0000012 SOCS2  
Interleukin-17 ENSG0000016 IL17RC  
Beta-arrestin- ENSG0000014 ARRB2  
Alpha-synucle ENSG0000014 SNCA  
Mediator of R ENSG0000012 MED1  
Histone acetyl ENSG000001C KAT2A  
E3 ubiquitin-p ENSG000001C SMURF2  
Serine/threon ENSG0000008 NLK  
Protein mono ENSG0000016 TIPARP  
Neuroepitheli ENSG0000017 NET1  
Regulatory-as ENSG0000014 RPTOR  
Pleckstrin hon ENSG0000017 PLEKHF2  
Inner nuclear ENSG0000017 LEMD3  
Disintegrin an ENSG0000014 ADAM15  
Adenosine de ENSG0000009 ADA2  
Cytoplasmic p ENSG0000015 NCK1  
Insulin-like gr ENSG0000016 IGFBP6  
Stromal cell-d ENSG000001C CXCL12

Serine/threon ENSG0000014 PAK1  
 SH3 domain-c ENSG000001C SH3D19  
 Caveolin-2 ENSG000001C CAV2  
 DNA-directed ENSG0000014 POLR2D  
 NA NA NA  
 E3 ubiquitin-p ENSG0000007 RNF126  
 Epidermal gro ENSG0000012 EPS15L1  
 Serine/threon ENSG0000013 TAOK3  
 Cytochrome b ENSG0000005 CYBA  
 Partitioning d ENSG0000014 PARD3  
 Protein kinase ENSG0000002 PRKCH  
 Hamartin (Tuk ENSG000001E TSC1  
 Receptor acti\ ENSG0000013 RAMP2  
 cGMP-inhibite ENSG0000017 PDE3A  
 DnaJ homolog ENSG0000013 DNAJC13  
 Nuclear cap-b ENSG0000013 NCBP1  
 Serum albumi ENSG000001E ALB  
 General trans ENSG000001E GTF2F2  
 STAM-binding ENSG0000012 STAMBP  
 AT-rich intera ENSG0000015 ARID5B  
 Gremlin-1 (Ce ENSG000001E GREM1  
 Intersectin-1 ( ENSG000002C ITSN1  
 NA NA NA  
 Merlin (Moesi ENSG000001E NF2  
 Activated CDC ENSG000000E TNK2  
 Epsin-2 (EPS-1 ENSG0000007 EPN2  
 Multivesicular ENSG0000014 MVB12A  
 GTPase KRas ( ENSG0000013 KRAS  
 Microtubule-α ENSG000001E MAPT  
 Suppressor of ENSG000001E SOCS4  
 Platelet-deriv ENSG0000013 PDGFRA  
 CCN family m ENSG0000013 CCN3  
 Suppression o ENSG000001E DENND2B  
 Kinesin-like pr ENSG000000E KIF16B  
 Matrix remod ENSG000001E MXRA8  
 E3 ubiquitin-p ENSG000001E SMURF1  
 Activin recept ENSG0000012 ACVR2A  
 Serine protea ENSG0000011 HTRA2  
 GRB2-associat ENSG000001C GAB1  
 SH2B adapter ENSG0000017 SH2B1  
 GRB10-interac ENSG0000014 GIGYF1  
 Glycogen synt ENSG000001C GSK3A  
 Cell division c ENSG000000E CDC5L  
 Kinase suppre ENSG0000014 KSR1  
 Apolipoprotei ENSG000001C APOL1  
 Leucine-rich r ENSG000001E LRIG2  
 Mitogen-activ ENSG0000013 MAP3K7  
 Dehydrodolic ENSG0000015 NUS1  
 Rab11 family- ENSG000001C RAB11FIP2  
 Integrin beta- ENSG000001C ITGB8

ETS domain-c ENSG0000012 ELK1  
Vacuolar prot ENSG000000C VTA1  
BMP and activ ENSG000000S BAMBI  
Hepatocyte gr ENSG000001C MET  
Inositol polypl ENSG0000013 INPP5K  
Serine/threon ENSG000001S MTOR  
Phosphatidylr ENSG000000E PIK3CB  
Patatin-like p ENSG0000017 PNPLA2  
SH3 domain-c ENSG0000014 SH3KBP1  
Suppressor of ENSG0000017 SOCS5  
Serine/threon ENSG000001C PRKD2  
Cytoplasmic p ENSG0000007 NCK2  
Cadherin-5 (7I ENSG0000017 CDH5  
Syndecan-4 (S ENSG0000012 SDC4  
Sphingomyeli ENSG000001C SMPD3  
Ski oncogene ENSG000001S SKI  
Signal transdu ENSG0000013 STAM  
Secreted frizzl ENSG000001C SFRP1  
Phosphatidylr ENSG0000012 PIK3CA  
Chemokine-lik ENSG0000021 TAFAS  
Proline-, gluta ENSG0000014 PELP1  
Sphingosine 1 ENSG0000017 S1PR1  
Receptor-inte ENSG0000013 RIPK1  
Myoferlin (Fe ENSG0000013 MYOF  
Guanine nucle ENSG000001E VAV2  
Beta-arrestin- ENSG0000013 ARRB1  
Phosphatidylr ENSG000001C PIK3R2  
Protein S100- ENSG000001E S100A13  
Inhibin beta A ENSG0000012 INHBA  
Multivesicular ENSG000001S MVB12B  
Opioid growth ENSG0000011 OGFRL1  
Cadherin-13 (I ENSG0000014 CDH13  
Low-density li ENSG0000013 LDLR  
Prolyl endope ENSG0000007 FAP  
Sickle tail prot ENSG0000012 KIAA1217  
Phenazine bio ENSG000001C PBLD  
15-hydroxypr ENSG000001E HPGD  
MAP kinase-a ENSG0000011 MAPKAPK3  
Rho GTPase-a ENSG0000013 ARHGAP32  
TNF receptor- ENSG0000013 TRAF3  
Protein kinase ENSG000001E PRKCI  
1-phosphatid ENSG0000013 PLCE1  
Transcription ENSG0000017 RELA  
NAD-depende ENSG000000S SIRT1  
Tyrosine-prot ENSG000001C CSK  
SH3KBP1-bind ENSG000001E SHKBP1  
Inhibin alpha ( ENSG0000012 INHA  
Solute carrier ENSG0000007 SLC25A40  
WAS/WASL-in ENSG0000011 WIPF1  
Serine protea ENSG000001C HPN

NA NA NA  
 Noelin-2 (Olfa ENSG000001C OLFM2  
 Neuropilin-2 ( ENSG0000011 NRP2  
 Insulin-like grc ENSG000001E IGF2  
 Rho guanine r ENSG000001C ARHGEF18  
 Cadherin EGF ENSG000000C CELSR3  
 Dual specificit ENSG000000E MAP2K3  
 Mothers agair ENSG0000017 SMAD1  
 Proto-oncoge ENSG000001E SRC  
 Unconvention ENSG000001E MYO1E  
 Mitogen-activ ENSG000001E MAP3K5  
 TYRO protein ENSG0000001 TYROBP  
 Extracellular c ENSG000000E CASR  
 Ribosomal prc ENSG0000007 RPS6KA6  
 GTP-binding p ENSG0000014 RIT1  
 Sprouty-relate ENSG000001E SPRED1  
 Activin recept ENSG0000011 ACVR1  
 Cell adhesion ENSG000001C CADM4  
 NA NA NA  
 Activin recept ENSG000001E ACVR1B  
 Insulin receptr ENSG000001E IRS1  
 Platelet-deriv ENSG0000017 PDGFD  
 Zinc finger prc ENSG000001C ZPR1  
 Zinc finger anr ENSG0000017 ZBTB7A  
 Disabled homr ENSG000001E DAB2IP  
 Ubiquitin-like ENSG000001E ISG15  
 Dual specificit ENSG0000011 DUSP22  
 Phosphatidyli ENSG000001E PIP5K1C  
 Cullin-7 (CUL- ENSG0000004 CUL7  
 BAG family m ENSG000001E BAG4  
 Mucin-20 (ML ENSG0000017 MUC20  
 Serine/threon ENSG000001E PRKD1  
 C-type lectin c ENSG0000017 CLEC14A  
 Ribosomal prc ENSG0000011 RPS6KA1  
 Transforming ENSG000001E TGFBRAP1  
 Inactive rhom ENSG000001E RHBDF2  
 Adhesion G pr ENSG000000E ADGRA2  
 FGFR1 oncoge ENSG0000021 FGFR1OP  
 Transforming ENSG000001E LRRC32  
 Leucine-rich r ENSG000001E FLRT2  
 Protein PML (I ENSG0000014 PML  
 Cingulin ENSG0000014 CGN  
 Short transien ENSG000001E TRPC4  
 Epidermal gro ENSG0000014 EGFR  
 Disintegrin an ENSG000001E ADAM17  
 G-protein cou ENSG000001E GPER1  
 BH3-interactir ENSG0000001 BID  
 Sprouty-relate ENSG000001E SPRED2  
 CAD protein [I ENSG000000E CAD  
 Proline-rich AI ENSG000002C AKT1S1



Transmembra ENSG0000013 TMEM204  
Myocyte-spec ENSG0000008 MEF2C  
NA NA NA  
Fibromodulin ENSG0000012 FMOD  
Angiopoietin-1 ENSG0000009 ANGPT2  
Twinfilin-2 (A ENSG0000024 TWF2  
Bone morpho ENSG0000012 BMP2  
Zinc finger CC ENSG0000019 ZGPAT  
Protein sprout ENSG0000018 SPRY4  
Apelin (APJ en ENSG0000017 APLN  
Transcription ENSG0000013 ETV6  
Protein TMEP ENSG0000012 PMEPA1  
EP300-interac ENSG0000017 EID2  
Fibroblast gro ENSG0000011 FGF12  
Delta-like prot ENSG0000012 DLL4  
Tyrosine-prot ENSG0000016 AXL  
Agrin [Cleavc ENSG0000018 AGRN  
Cyclin-depend ENSG0000016 CDK5  
Phosducin-like ENSG0000011 PDCL3  
Cdc42-interac ENSG0000012 TRIP10  
C5a anaphylat ENSG0000019 C5AR1  
WAS/WASL-in ENSG0000017 WIPF2  
Protein kinase ENSG0000006 PRKCZ  
Rab GTPase-b ENSG0000017 RABEP2  
Protein fuzzy I ENSG0000001 FUZ  
Membrane-as ENSG0000008 MAGI3  
Transforming ENSG0000011 TGFB3  
Cytochrome P ENSG0000013 CYP1B1  
Diacylglycerol ENSG0000007 DGKD  
Glypican-1 [Cl ENSG0000006 GPC1  
Thrombomod ENSG0000017 THBD  
Keratin, type I ENSG0000012 KRT17  
Transforming ENSG0000006 TGFB3  
Multimerin-2 ENSG0000017 MMRN2  
CD109 antigen ENSG0000015 CD109  
Serine/threon ENSG0000013 ACVRL1  
Charged multi ENSG0000017 CHMP6  
Homeobox pr ENSG0000017 TGIF1  
cGMP-dependc ENSG0000018 PDE2A  
Polypeptide N ENSG0000011 GALNT3  
Mothers agair ENSG0000012 SMAD9  
Protein jaggedc ENSG0000018 JAG2  
Vascular endo ENSG0000015 VEGFC  
Cytohesin-3 (/ ENSG0000000 CYTH3  
Plexin-A1 (Ser ENSG0000011 PLXNA1  
RAS guanyl-re ENSG0000017 RASGRP1  
Ankyrin repea ENSG0000006 ANKS1A  
Breast cancer ENSG0000001 BRCA1  
Glypican-3 (G ENSG0000014 GPC3  
Lateral signal ENSG0000015 ZFYVE28

Protein sproutl ENSG0000013 SPRY2  
Serine/threon ENSG0000006 PPP2R5B  
Regulator of n ENSG0000013 RMDN3  
TNF receptor- ENSG0000012 TRAF2  
Phosphatidyli ENSG0000013 PIK3C2B  
Protein-lysine ENSG0000011 LOX  
1-phosphatidy ENSG0000015 PLCG2  
Regulator of C ENSG0000016 RGS14  
Proteoglycan ENSG0000011 PRG4  
Serine proteas ENSG0000017 HTRA3  
Partitioning d ENSG000001C PARD6A  
Cyclin-depend ENSG0000012 CDKN1C  
Syndecan-1 (S ENSG0000011 SDC1  
Cellular tumo ENSG0000014 TP53  
Protein kinase ENSG0000015 PRKCA  
Dual serine/thr ENSG0000013 DSTYK  
Tumor necros ENSG000000C TNFRSF12A  
NA NA NA  
EH domain-co ENSG0000011 EHD1  
Cytochrome b ENSG0000016 CYBB  
EMILIN-1 (Ela ENSG0000013 EMILIN1  
Ras-related pr ENSG0000018 RAP2B  
Frizzled-4 (Fz- ENSG0000017 FZD4  
Kit ligand (Ma ENSG0000004 KITLG  
Matrix-remod ENSG000001C MXRA5  
Mast/stem ce ENSG0000015 KIT  
Tyrosine-prot ENSG0000025 LYN  
Platelet-deriv ENSG000001C PDGFB  
Fibroblast gro ENSG0000011 FGF1  
Oncostatin-M ENSG0000014 OSMR  
Nuclear recep ENSG0000011 NR4A3  
Fractalkine (C ENSG000000C CX3CL1  
Zinc finger ho ENSG0000014 ZFHX3  
Tumor necros ENSG0000023 TNFSF12  
TGF-beta-acti ENSG000001C TAB1  
Fibroblast gro ENSG0000017 FGFBP3  
Fibroblast gro ENSG0000016 FGFR4  
Copper-transp ENSG0000016 ATP7A  
Urokinase-typ ENSG0000012 PLAU  
Leucine repea ENSG0000017 FAM89B  
Vasorin (Prote ENSG0000027 VASN  
GRB2-associat ENSG0000014 GAREM1  
Ribosomal prc ENSG0000007 RPS6KA2  
Growth factor ENSG0000014 GRB7  
Integrin alpha ENSG0000011 ITGA4  
Tyrosine-prot ENSG0000006 TIE1  
Platelet-deriv ENSG0000014 PDGFC  
Protocadherin ENSG0000015 FAT4  
Huntingtin-int ENSG0000012 HIP1  
Fibroblast gro ENSG0000006 FGFR3

Urokinase plasminogen activator 1 ENSG0000001 PLAUR  
Menin ENSG0000013 MEN1  
Src kinase-activator ENSG0000014 SKAP1  
Growth hormone receptor type 1 ENSG0000011 GHR  
Mothers against decapentaplegic 7 ENSG000001C SMAD7  
Glomulin (FK5-binding protein) ENSG0000017 GLMN  
Metallothionein 3 ENSG0000008 MT3  
Slit homolog 2 ENSG0000014 SLIT2  
Proto-oncogene, Src family tyrosine kinase VAV1 ENSG0000014 VAV1  
Fibroblast growth factor 7 ENSG0000014 FGF7  
CD97 antigen ENSG0000012 ADGRE5  
Amphiregulin ENSG000001C AREG  
Coagulation factor F7 ENSG0000005 F7  
Mitogen-activated protein kinase 11 ENSG0000018 MAPK11  
Beta-2 adrenergic receptor 2 ENSG0000016 ADRB2  
Fms-related tyrosine kinase 3 ENSG0000009 FLT3LG  
Macrophage chemoattractant 1 ENSG0000018 CSF1  
Growth factor receptor tyrosine kinase 14 ENSG0000011 GRB14  
Mucin-1 (MUC1) ENSG0000018 MUC1  
GRB2-associated protein 3 ENSG0000003 GAB2  
Claudin-1 (Serpin family 1B member 1) ENSG0000016 CLDN1  
E3 ubiquitin-protein ligase CBL ENSG0000014 CBL  
ETS-related transcription factor 4 ENSG000001C ELF4  
Mothers against decapentaplegic 3 ENSG0000016 SMAD3  
Placenta growth factor ENSG0000011 PGF  
Epithelial splicing enhancer 2 ENSG000001C ESRP2  
Follistatin-related protein 3 ENSG0000007 FSTL3  
Tumor necrosis factor receptor 2 ENSG0000002 FAS  
Interleukin-8 (CXCL8) ENSG0000016 CXCL8  
Transcription factor SOX9 ENSG0000012 SOX9  
Progesterone receptor ENSG0000008 PGR  
Nck-associated protein 1L ENSG0000012 NCKAP1L  
Proheparin-binding protein ENSG0000011 HBEGF  
Platelet-derived growth factor receptor-like 1C ENSG000001C PDGFRL  
Sushi repeat-containing protein 2 ENSG000001C SRPX2  
Claudin-5 (Transmembrane protein 5) ENSG0000018 CLDN5  
Platelet basic protein ENSG0000016 PPBP  
Carbohydrate sulfotransferase 11 ENSG0000017 CHST11  
Transforming growth factor beta 11 ENSG0000014 TGFB11  
Ribosomal protein S6KA5 ENSG000001C RPS6KA5  
Semaphorin-6 ENSG0000009 SEMA6A  
Receptor tyrosine kinase ERBB2 ENSG0000014 ERBB2  
N-acetyllactosaminidase 2 ENSG0000011 GCNT2  
LIM and domain protein 2 ENSG0000007 LIMS2  
Protein Wnt-5A ENSG0000011 WNT5A  
Galectin-9 (GAL9) ENSG0000016 LGALS9  
Activin receptor ACVR2B ENSG0000011 ACVR2B  
Coronin-1A (CORO1A) ENSG000001C CORO1A  
RalBP1-associated protein 2 ENSG0000016 REPS2  
Delta-like protein 1 ENSG0000019 DLL1

Polymeric imr ENSG0000016 PIGR  
Growth/differ ENSG0000013 GDF11  
Protein naked ENSG0000014 NKD2  
Tumor necros ENSG0000002 TNFRSF1B  
Zinc finger prc ENSG0000018 ZNF703  
B-cell CLL/lym ENSG0000018 BCL9L  
Zinc finger prc ENSG0000001 SNAI2  
Probetacelluli ENSG0000017 BTC  
MICAL-like prc ENSG000001C MICALL1  
Tumor necros ENSG000001C CD40  
Cadherin EGF ENSG0000014 CELSR2  
Angiopoietin-: ENSG0000012 TEK  
Ras associatio ENSG000001C RASSF2  
Regulator of C ENSG0000014 RGS16  
Cyclic AMP-re ENSG0000015 CREB3L1  
USP6 N-termil ENSG0000014 USP6NL  
Neurogenic lo ENSG0000014 NOTCH1  
Dual specificit ENSG0000014 DUSP15  
Docking prote ENSG0000011 DOK1  
Myogenesis-r ENSG0000016 MYORG  
SH2 domain-c ENSG000001C SHB  
Sodium/hydr ENSG0000009 SLC9A1  
Ribosomal prc ENSG0000016 RPS6KA4  
E3 ubiquitin-p ENSG0000011 CBL  
Bone morpho; ENSG0000011 BMP8B  
Arf-GAP with ENSG000001C ADAP1  
Inhibin beta B ENSG0000016 INHBB  
Endophilin-A3 ENSG0000014 SH3GL3  
Transcription ENSG000001C E2F1  
Tyrosine-prot ENSG0000015 MERTK  
Leucine-rich r ENSG0000016 LINGO1  
Guanine nucle ENSG0000013 VAV3  
Cyclin-depend ENSG0000014 CDKN2B  
Proline-rich pr ENSG0000018 PRR5  
Anosmin-1 (A ENSG0000001 ANOS1  
Vascular endo ENSG0000003 FLT4  
Suppressor of ENSG0000018 SOCS1  
Apoptosis reg ENSG0000017 BCL2  
Hypermethyla ENSG0000017 HIC1  
C3a anaphylat ENSG0000017 C3AR1  
Disks large-as; ENSG0000011 DLGAP3  
Muellerian-inl ENSG000001C AMH  
Bone morpho; ENSG0000012 BMP4  
Integrin alpha ENSG0000007 ITGA8  
P-selectin (CD ENSG0000017 SELP  
Diacylglycerol ENSG0000014 DGKQ  
Activin recept ENSG0000012 ACVR1C  
Growth arrest ENSG0000018 GAS1  
Integrin beta-; ENSG0000013 ITGB4  
Beta-klotho (E ENSG0000013 KLB

Neurturin ENSG0000017 NRTN  
 Nitric oxide sy ENSG0000016 NOS3  
 Interleukin-6 ( ENSG0000013 IL6  
 Tyrosine-protr ENSG0000018 FES  
 Interleukin-15 ENSG0000016 IL15  
 A disintegrin a ENSG0000015 ADAMTS12  
 Endothelin-1 ( ENSG0000007 EDN1  
 Androgen rec ENSG0000016 AR  
 Epidermal gro ENSG0000024 EGFL8  
 Angiopoietin-1 ENSG0000015 ANGPT1  
 Low-density li ENSG0000015 LRP8  
 Fibroblast gro ENSG0000006 FGFR2  
 Insulin-like grc ENSG0000014 IGFBP1  
 Growth-regul ENSG0000016 CXCL1  
 Integrin beta-1 ENSG0000025 ITGB3  
 Bone morpho ENSG0000015 BMP6  
 Actin filament ENSG0000016 AFAP1L2  
 Transforming ENSG0000009 TGFB2  
 TNF receptor-1 ENSG0000005 TRAF1  
 Prokineticin r ENSG0000010 PROKR2  
 Cadherin-3 (PI ENSG0000006 CDH3  
 Protein kinase ENSG0000016 PRKCB  
 Hepatocyte gr ENSG0000001 HGF  
 Tomoregulin-1 ENSG0000024 TMEFF1  
 Tomoregulin-2 ENSG0000014 TMEFF2  
 Inhibin beta E ENSG0000013 INHBE  
 Insulin-like grc ENSG0000013 IGF2BP3  
 Runt-related t ENSG0000012 RUNX2  
 Interleukin-1 b ENSG0000012 IL1B  
 Ephrin type-A ENSG0000014 EPHA2  
 Neutrophil cy ENSG0000011 NCF2  
 Fibroblast gro ENSG0000013 FRS3  
 Tyrosine-protr ENSG0000006 STYK1  
 Hematopoieti ENSG0000015 HHEX  
 One cut doma ENSG0000011 ONECUT2  
 NA NA NA  
 Hepatocyte n ENSG0000016 ONECUT1  
 Apolipoprotei ENSG0000011 APOA1  
 GRB2-related ENSG0000010 GRAP2  
 Fibroblast gro ENSG0000010 FGF9  
 Prostacyclin r ENSG0000016 PTGIR  
 Interleukin-17 ENSG0000014 IL17RD  
 Pro-neureguli ENSG0000015 NRG2  
 Tumor necros ENSG0000006 NGFR  
 Interleukin-7 ( ENSG0000010 IL7  
 Pro-neureguli ENSG0000016 NRG4  
 Mothers agair ENSG0000013 SMAD6  
 DAN domain f ENSG0000017 DAND5  
 Inactive rhom ENSG0000000 RHBDF1  
 Sphingosine k ENSG0000017 SPHK1

Accepted manuscript

Interleukin-34 ENSG0000015 IL34  
 Leukemia inhi ENSG0000012 LIF  
 Insulin-like grc ENSG0000001 IGF1  
 Pro-neuregulin ENSG0000015 NRG1  
 Platelet endot ENSG0000018 PEAR1  
 Adhesion G pr ENSG0000012 ADGRE2  
 Persephin (PS) ENSG0000012 PSPN  
 Low-density li ENSG0000013 LRP4  
 Pleiotrophin (|) ENSG0000010 PTN  
 Adenosine rec ENSG0000017 ADORA2B  
 NA NA NA  
 NA NA NA  
 Alpha-2-HS-gl ENSG0000014 AHSG  
 Transient rece ENSG0000015 TRPV1  
 Protransformi ENSG0000016 TGFA  
 Matrix metallc ENSG0000010 MMP9  
 Embryonic grc ENSG0000013 GDF1  
 Fibroblast gro ENSG0000013 FGF2  
 CX3C chemok ENSG0000016 CX3CR1  
 Insulin growth ENSG0000020 IGFL4  
 Pro-epiderma ENSG0000013 EGF  
 Neutrophil cyf ENSG0000010 NCF4  
 Tumor-associ ENSG0000018 TACSTD2  
 Forkhead box ENSG0000005 FOXC1  
 Alpha-2A adre ENSG0000015 ADRA2A  
 Interleukin-10 ENSG0000013 IL10  
 Leucine-rich r ENSG0000012 FLRT3  
 Ventricular zo ENSG0000015 VEPH1  
 Tyrosine-protc ENSG0000009 TYRO3  
 Bone morpho| ENSG0000018 BMP8A  
 Tumor necros ENSG0000018 TNFRSF4  
 GRB2-associat ENSG0000016 GAB3  
 Renin (EC 3.4. ENSG0000014 REN  
 B-lymphocyte ENSG0000015 MS4A1  
 Epidermal gro ENSG0000015 EPS8L3  
 Proepiregulin ENSG0000012 EREG  
 Tyrosine-protc ENSG0000013 TEC  
 Protein shisa-| ENSG0000018 SHISA2  
 Histone-lysine ENSG0000014 PRDM16  
 DNA (cytosine ENSG0000008 DNMT3B  
 Trans-acting T ENSG0000010 GATA3  
 P2Y purinocep ENSG0000016 P2RY1  
 Bone morpho| ENSG0000010 BMP7  
 Runt-related t ENSG0000002 RUNX3  
 Leucine-rich a ENSG0000017 LRG1  
 Transforming ENSG0000026 TGFB3L  
 Fibroblast gro ENSG0000015 FGF17  
 Leukocyte imr ENSG0000027 LILRB1  
 TGFB1-induce ENSG0000022 TIAF1  
 Insulin-like grc ENSG0000009 IGFALS

Acidic mamm: ENSG0000013 CHIA  
Homeobox pr: ENSG0000013 NKX2-1  
Fibroblast gro: ENSG0000013 FGF5  
Rho-related G: ENSG0000017 RHOD  
Potassium vol: ENSG0000016 KCNC2  
Somatoliberin: ENSG0000011 GHRH  
Mu-type opioi: ENSG0000011 OPRM1  
Fibroblast gro: ENSG0000012 FGFRL1  
Retinoic acid-i: ENSG0000001 GPRC5A  
Epidermal gro: ENSG0000013 EPS8L1  
Noggin: ENSG0000018 NOG  
C-X-C motif ch: ENSG0000015 CXCL13  
Fermitin famil: ENSG0000010 FERMT1  
Artemin (Eno): ENSG0000011 ARTN  
Twist-related: ENSG0000012 TWIST1  
SHC SH2 dom: ENSG0000017 SHCBP1  
Neutrophil cy: ENSG0000015 NCF1  
Zinc finger prc: ENSG0000016 GF11  
WAP, Kazal, in: ENSG0000012 WFIKKN1  
Receptor tyro: ENSG0000017 ERBB4  
Fibroblast gro: ENSG0000007 FGF22  
Apolipoprotei: ENSG0000008 APOB  
Left-right dete: ENSG0000024 LEFTY1  
Ras-like prote: ENSG0000012 RASL11B  
NT-3 growth f: ENSG0000014 NTRK3  
Mannan-bindi: ENSG0000012 MASP1  
Growth/differ: ENSG0000013 MSTN  
C-C chemokin: ENSG0000012 CCR2  
GRB2-associat: ENSG0000015 GAREM2  
Cartilage inter: ENSG0000013 CILP  
Leukocyte cell: ENSG0000013 CNMD  
Brain-derived: ENSG0000017 BDNF  
Oncostatin-M: ENSG0000009 OSM  
Myocardin: ENSG0000014 MYOCD  
Transforming: ENSG0000017 NRROS  
Leucine-rich r: ENSG0000012 FLRT1  
Growth/differ: ENSG0000016 GDF9  
Prothrombin (: ENSG0000018 F2  
Transcription: ENSG0000017 SOX11  
Protein GAPT: ENSG0000017 GAPT  
Interleukin-11: ENSG0000009 IL11  
SHC-transform: ENSG0000014 SHC3  
Macrophage-s: ENSG0000016 MST1R  
Estrogen rece: ENSG0000009 ESR1  
SH2 domain-c: ENSG0000002 SH2D2A  
Insulin-like gr: ENSG0000007 IGF2BP2  
Bile acid rece: ENSG0000001 NR1H4  
Plasminogen (: ENSG0000012 PLG  
Adiponectin (: ENSG0000018 ADIPOQ  
Cardiotrophin: ENSG0000017 CLCF1

Bone morpho; ENSG0000015 BMP3  
Integrin beta-1 ENSG0000011 ITGB6  
Insulin-like grc ENSG0000015 IGF2BP1  
Lymphotactin ENSG0000014 XCL1  
Protein FAM8 ENSG0000016 FAM83B  
Insulin growth ENSG0000020 IGFL2  
Bone morpho; ENSG0000013 BMPR1B  
Signal peptide ENSG0000014 SCUBE3  
Cbp/p300-inte ENSG0000012 CITED1  
Protein-tyrosi ENSG0000010 PTK6  
Cytoplasmic ty ENSG0000010 BMX  
Fibroblast gro ENSG0000007 FGF10  
Nitric oxide sy ENSG0000008 NOS1  
Homeobox pr ENSG0000016 NKX3-1  
Low-density li ENSG0000008 LRP2  
Protein Wnt-1 ENSG0000013 WNT10A  
Leucine-rich r ENSG0000013 LGR5  
Hedgehog-inte ENSG0000016 HHIP  
Protein sprout ENSG0000016 SPRY3  
NA NA NA  
Neurotrophin ENSG0000018 NTF3  
Beta-nerve grc ENSG0000013 NGF  
Interleukin-12 ENSG0000016 IL12A  
Granulocyte c ENSG0000010 CSF3  
Fibroblast gro ENSG0000010 FGF8  
Protein Wnt-2 ENSG0000010 WNT2  
Kallikrein-2 (E ENSG0000016 NA  
Leukocyte tyro ENSG0000006 LTK  
Serine protease ENSG0000016 HTRA4  
Growth/differ ENSG0000015 GDF6  
Tenomodulin ENSG0000000 TNMD  
Insulin growth ENSG0000018 IGFL1  
Growth/differ ENSG0000014 GDF7  
NA NA NA  
CD27 antigen ENSG0000013 CD27  
Receptor-type ENSG0000012 FLT3  
Histidine-rich ENSG0000011 HRG  
Bone morpho; ENSG0000011 BMP5  
Sodium-deper ENSG0000015 SLC34A2  
Multiple epid ENSG0000014 MEGF10  
Ciliary neurot ENSG0000024 CNTF  
Teratocarcino ENSG0000024 TDGF1  
Modulator of ENSG0000018 TMEM150B  
Dickkopf-relat ENSG0000010 DKK1  
Folate receptc ENSG0000011 FOLR1  
Fibroblast gro ENSG0000015 FGF18  
ALK tyrosine k ENSG0000017 ALK  
Leptin (Obese ENSG0000017 LEP  
Zinc transport ENSG0000019 SLC30A10  
Vascular endo ENSG0000016 VEGFD

Accepted manuscript



Pro-neuregulin ENSG0000018 NRG3  
Stabilin-2 (FA5 ENSG0000013 STAB2  
Thrombopoietin ENSG0000011 MPL  
C-X-C motif chemokine 17 ENSG0000018 CXCL17  
T-box transcription factor 1 ENSG0000018 TBX1  
Interleukin-4 (ENSG0000011 IL4  
Adenosine receptor ENSG0000016 ADORA1  
Delta-type opioid receptor 1 ENSG0000011 OPRD1  
High affinity nerve growth factor receptor 1 ENSG0000019 NTRK1  
Forkhead box protein C2 ENSG0000017 FOXC2  
Vitronectin (V) ENSG0000010 VTN  
Neurotrophin-4 ENSG0000022 NTF4  
Adhesion G protein-coupled receptor 17 ENSG0000017 ADGRE1  
Proprotein convertase subtilisin/kexin type 9 ENSG0000016 PCSK9  
R-spondin-1 (family 1) ENSG0000016 RSPO1  
Syntaxin-19 ENSG0000017 STX19  
Natriuretic peptide A ENSG0000017 NPPA  
NA NA NA  
Fibroblast growth factor 20 ENSG0000007 FGF20  
Protachykinin-1 ENSG0000000 TAC1  
Anti-Müllerian hormone 2 ENSG0000013 AMHR2  
Adhesion G protein-coupled receptor 3 ENSG0000013 ADGRE3  
Fibroblast growth factor binding protein 1 ENSG0000013 FGFBP1  
Interleukin-2 (ENSG0000010 IL2  
Tripartite motif 72 ENSG0000017 TRIM72  
Granulocyte colony-stimulating factor 2 ENSG0000016 CSF2  
Ficolin-2 (37 kDa) ENSG0000016 FCN2  
Forkhead box protein P3 ENSG0000004 FOXP3  
Tumor necrosis factor receptor superfamily 9 ENSG0000004 TNFRSF9  
Paired box protein 2 ENSG0000007 PAX2  
Growth/differentiation factor 5 ENSG0000012 GDF5  
Leucine-rich repeat-containing protein 3 ENSG0000018 LRIT3  
Early placenta protein 4 ENSG0000012 INSL4  
Tumor necrosis factor receptor superfamily 8 ENSG0000012 TNFRSF8  
Retinal rod opsin ENSG0000018 PDE6G  
E3 ubiquitin-protein ligase TRIM71 ENSG0000020 TRIM71  
Poly(U)-specific binding protein 1 ENSG0000011 ENDOU  
Growth hormone 2 ENSG0000013 GH2  
Glial cell line-derived neurotrophic factor ENSG0000016 GDNF  
PR domain zinc finger protein 14 ENSG0000014 PRDM14  
Interleukin-13 ENSG0000016 IL13  
WAP, Kazal, type 2 domain containing protein 2 ENSG0000017 WFIKKN2  
Apolipoprotein A2 ENSG0000015 APOA2  
Insulin growth factor 3 ENSG0000018 IGFL3  
Interleukin-5 (ENSG0000011 IL5  
Protein FAM83A ENSG0000014 FAM83A  
Epigenetic protein 1 ENSG0000018 EPGN  
Retinal cone opsin ENSG0000013 PDE6H  
Cell death inducer 17 ENSG0000017 CIDEA

Kininogen-1 (ENSG0000011 KNG1  
Thrombopoietin (ENSG0000009 THPO  
Fibroblast growth factor 19 (ENSG0000016 FGF19  
Prokineticin-1 (ENSG0000014 PROK1  
5-hydroxytryptamine 3A receptor (ENSG0000016 HTR3A  
SKI family transcription factor 2 (ENSG0000021 SKOR2  
Growth hormone (ENSG0000012 GHSR  
Interleukin-1 alpha (ENSG0000011 IL1A  
Hepatocyte growth factor (ENSG0000010 HGFAC  
Left-right determinant 2 (ENSG0000014 LEFTY2  
Protein Wnt-7 (ENSG0000015 WNT7A  
Interleukin-12 (ENSG0000011 IL12B  
Forkhead box protein 1 (ENSG0000016 FOXH1  
Growth/differentiation factor 3 (ENSG0000018 GDF3  
Prostate-specific antigen (ENSG0000014 KLK3  
Inhibin beta C subunit (ENSG0000017 INHBC  
Prokineticin receptor 1 (ENSG0000016 PROKR1  
Somatotropin (ENSG0000025 GH1  
Interleukin-3 (ENSG0000016 IL3  
Insulin receptor 4 (ENSG0000013 IRS4  
Fibroblast growth factor 16 (ENSG0000019 FGF16  
Follicle-stimulating hormone (ENSG0000013 FSHB  
Fibroblast growth factor 21 (ENSG0000010 FGF21  
Homeobox protein 2 (ENSG0000016 OTX2  
Apolipoprotein A5 (ENSG0000011 APOA5  
Interleukin-17 (ENSG0000011 IL17F  
Pituitary-specific homeobox 1 (ENSG0000006 POU1F1  
Uteroglobin (ENSG0000014 SCGB1A1  
Fibroblast growth factor 6 (ENSG0000011 FGF6  
Fibroblast growth factor 3 (ENSG0000018 FGF3  
Nodal homolog (ENSG0000015 NODAL  
Bone morphogenetic protein 10 (ENSG0000016 BMP10  
Chorionic somatomedin 2 (ENSG0000021 CSH2  
Fibroblast growth factor 23 (ENSG0000011 FGF23  
Chorionic somatomedin 1 (ENSG0000020 CSHL1  
Caveolin-3 (Mammalian) (ENSG0000018 CAV3  
Parathyroid hormone (ENSG0000015 PTH  
Proto-oncogene Wnt-1 (ENSG0000012 WNT1  
Olfactory receptor 2AT4 (ENSG0000017 OR2AT4  
Kunitz-type protease inhibitor 3 (ENSG0000010 SPINT3  
GRB2-associated protein 4 (ENSG0000021 GAB4  
Chorionic somatomedin 1 (ENSG0000013 CSH1  
Fibroblast growth factor 4 (ENSG0000007 FGF4  
Interleukin-9 (ENSG0000014 IL9  
Bone morphogenetic protein 15 (ENSG0000013 BMP15

EntrezID	UNIPROT_GENENAMES
8321	FZD1
2535	FZD2
7976	FZD3
7855	FZD5
8323	FZD6
8324	FZD7
8325	FZD8
8326	FZD9
11211	FZD10
4037	LRP3
4041	LRP5/7
4040	LRP6
26020	LRP9/10
887	CCKBR
1956	EGFR

Accepted manuscript

hgnc_symbol	ICGC_0438	ICGC_0425	ICGC_0440	ICGC_0441	ICGC_0431	ICGC_0447
ACVR1	0,0031507	0,00350652	0,00010378	0,0009825	0,00247697	0,00270144
ACVR1B	0,00083371	0,00036431	0,00022467	0,00357695	0,00875368	0,00135315
ACVR1C	0,00169811	0,00029601	0,0004855	7,99E-05	0,00056542	0,0004947
ACVR2A	0,0057132	0,00270579	0,00011813	0,00157199	0,00307611	0,00459294
ACVR2B	0,00122243	0,00141172	3,08E-05	0,00094253	0,00125016	0,00282754
ACVRL1	0,00168276	0,00109674	5,46E-05	0,00047293	0,00099598	0,00144045
ADGRA2	0,00339621	0,00182916	2,91E-05	0,00020316	0,00142653	0,00424374
ADGRE1	2,05E-05	4,55E-05	3,04E-06	2,00E-05	4,93E-05	9,70E-06
ADGRE2	0,00029154	0,00034913	8,56E-06	3,00E-05	7,26E-05	0,00020855
ADGRE3	1,53E-05	5,69E-05	2,62E-06	2,00E-05	3,89E-05	1,45E-05
ADGRG1	0,00989709	0,01670152	7,99E-05	0,05161595	0,00089482	0,00646989
ADORA1	3,58E-05	7,59E-06	4,28E-06	0	1,04E-05	0,00023765
ADORA2B	5,63E-05	0,00020113	8,28E-07	0,00205491	0,00173517	6,30E-05
ADRA2A	9,21E-05	2,28E-05	0,0001133	0	6,48E-05	0,0010282
ADRB2	0,00271083	0,0006755	9,11E-06	0,00018651	0,00035534	0,00134345
AHR	0,00583596	0,0039695	9,98E-05	0,0068808	0,00161587	0,00295364
ALK	6,14E-05	1,14E-05	1,38E-07	2,66E-05	4,93E-05	4,85E-05
AMHR2	5,11E-06	3,04E-05	2,76E-07	1,33E-05	0	0,00015035
AR	0,00035803	0,00062996	1,20E-05	9,99E-06	4,93E-05	0,00039285
ARNT	0,00535006	0,00496757	0,00015484	0,00199496	0,00394499	0,00645049
ATP6AP2	0,07714105	0,01907335	0,00142599	0,02317356	0,02977808	0,02695139
AXL	0,0013145	0,00107017	3,09E-05	0,00015653	0,0009052	0,0013192
BMPR1A	0,00592291	0,00327883	0,00034998	0,0026211	0,00397093	0,00621284
BMPR1B	0,00012276	0,0003719	7,04E-06	9,99E-06	1,04E-05	0,0001261
BMPR2	0,00992267	0,0042693	0,00017775	0,0022714	0,00310983	0,00543684
C3AR1	0,00064958	0,00018595	2,24E-05	7,66E-05	0,00046427	0,0004268
C5AR1	0,00050125	0,00319154	5,63E-05	0,0002731	0,00048761	0,00202245
CASR	0,02625414	0,00013282	0,00031203	6,66E-06	0,02394489	0,00423889
CCKBR	0,00021482	0,00058822	3,71E-05	0,00484253	0,00019712	0,00045105
CCR2	0,00023017	4,93E-05	8,56E-06	1,33E-05	4,93E-05	0,00023765
CD40	0,00045522	0,00094873	4,00E-05	0,00014321	0,00026715	0,00313794
CD93	0,00309955	0,00281205	9,48E-05	0,00099582	0,00156659	0,00262869
CELSR2	0,00050125	0,00081971	1,46E-05	0,00032306	0,00097004	0,0009991
CX3CR1	0,00014321	0,00013282	1,05E-05	5,99E-05	0,00048502	0,00016005
DNER	0,02947645	0,00495998	6,68E-05	0,09173172	0,00077292	0,00224555
EGFR	0,0004143	0,00023149	1,01E-05	0,00516226	0,00025418	0,0005141
EPS15	0,0231239	0,01121404	0,000597	0,00860599	0,00768249	0,01905561
EPS15L1	0,00507386	0,00327503	7,31E-05	0,00229471	0,0015588	0,00631469
EPS8	0,00233745	0,0022466	7,94E-05	0,00093587	0,00105822	0,00210005
EPS8L1	0,00023528	0,00033775	7,87E-06	5,99E-05	0,0002075	0,00060625
ERBB2	0,00101273	0,00061099	2,39E-05	0,00081597	0,00064842	0,0016102
ERBB3	0,00382074	0,01213621	1,02E-05	6,33E-05	0,00345997	0,0231975
ERBB4	4,60E-05	0,00023529	1,38E-06	0,0001199	5,45E-05	0,0001261
ERRFI1	0,04265211	0,05296973	0,00122823	0,01255928	0,04223555	0,12679328
ESR1	4,60E-05	4,17E-05	6,20E-05	3,33E-05	8,56E-05	0,0001067
FAS	0,00095646	0,00124094	4,98E-05	0,00079266	0,00049021	0,00099425
FGFR1	0,02061766	0,02767268	0,00036681	0,00922213	0,01267015	0,0484611
FGFR2	0,00024551	0,00025426	1,30E-05	1,33E-05	0,00072364	0,00183815
FGFR3	0,00031712	0,00110812	2,87E-05	2,66E-05	0,00039424	0,00824983

FGFR4	0,00047056	0,00161664	6,90E-06	9,66E-05	0,00010375	0,01268757
FGFRL1	9,21E-05	0,00012523	6,76E-06	0,00043296	4,15E-05	0,0006984
FLT1/VEGFR1	0,00407136	0,00772649	0,00016905	0,00381341	0,00513031	0,00799763
FLT3	7,16E-05	3,79E-06	2,07E-06	0	2,59E-06	0,0001649
FLT4	0,00075187	0,00075899	1,39E-05	0,0001965	0,00026974	0,00085845
FOLR1	0,00012787	0	1,02E-05	0	7,78E-06	0,00015035
FRS2	0,01282274	0,00531291	0,00014076	0,00345372	0,00520034	0,00675119
FRS3	0,0004859	0,00049714	1,28E-05	0,00035636	0,00046168	0,00074205
FZD1	0,00146283	0,00073242	2,83E-05	0,00095252	0,00102969	0,00163445
FZD10	4,09E-05	6,07E-05	1,10E-06	6,66E-06	2,59E-05	2,42E-05
FZD2	6,65E-05	2,66E-05	3,17E-06	3,66E-05	3,89E-05	8,24E-05
FZD3	0,00613773	0,00207963	0,00011979	0,0020749	0,00273893	0,00303609
FZD4	0,00134007	0,00131684	5,09E-05	0,0006994	0,00075736	0,0019109
FZD5	0,00523753	0,00168875	2,39E-05	0,00219479	0,00216832	0,00590244
FZD6	0,00355477	0,00311185	0,00015608	0,00290086	0,0016003	0,00277904
FZD7	0,00053705	0,00016698	6,76E-06	3,33E-06	0,00011153	0,0006887
FZD9	5,11E-06	1,52E-05	0	6,33E-05	5,19E-06	4,85E-06
GHR	0,0019743	0,00073242	1,86E-05	0,00209488	0,0002075	0,001164
GHRHR	8,70E-05	6,83E-05	2,76E-07	0	6,48E-05	7,27E-05
GHSR	0	0	7,25E-05	0	0	0
GPFR1	0,00012787	0,00018595	1,93E-06	3,00E-05	0,00018934	0,00169265
GRAP2	0,00038361	0,00045919	4,55E-06	9,99E-06	0,00031902	0,0003201
HTR3A	0	0	0	0	0	0
IGF1R	0,00496645	0,00725212	0,0001863	0,0003497	0,00031124	0,02266885
IGF2R	0,00516081	0,00785931	0,00012282	0,00420641	0,00277524	0,00596549
IL17RC	0,00586665	0,00428828	0,00015953	0,00505569	0,00372712	0,00523314
IL17RD	0,00018413	0,00065652	4,97E-06	5,00E-05	0,00017378	0,00065475
IL1R1	0,00295634	0,00561271	9,95E-05	0,00078267	0,00389053	0,0021146
IL6ST	0,04842158	0,01824985	0,00103572	0,00928208	0,01121768	0,01686342
INSR	0,02110356	0,0133392	0,00010419	0,01093067	0,01630649	0,01904591
KDR	0,00269549	0,00526737	0,00012517	0,00079599	0,00486316	0,00523799
KIT	0,00217378	0,00070965	6,90E-06	0,00359027	0,00175592	0,0006596
KTN1	0,03947072	0,01447389	0,00126701	0,00932538	0,02368033	0,0247204
LAIR1	0,00251136	0,00559753	5,24E-05	0,00040632	0,00079107	0,00540289
LDLRAD4	0,00264945	0,00149141	0,0001082	0,00114569	0,00381012	0,00548049
LGR5	1,02E-05	3,04E-05	6,90E-07	0	0,0001245	0
LIFR	0,00579504	0,00231491	0,00010889	0,00499241	0,00807673	0,00746413
LILRB1	0,00030177	0,00021631	5,24E-06	5,33E-05	8,82E-05	0,0002716
LRP1	0,00592291	0,0057	8,24E-05	0,00174185	0,0017663	0,00776968
LRP2	2,05E-05	3,79E-06	0	0	0	5,33E-05
LRP3	0,00511989	0,00222763	0,00019804	0,00778336	0,00282971	0,00469964
LRP4	8,18E-05	0,00012523	3,17E-06	5,00E-05	0,00195823	0,00020855
LRP6	0,00804043	0,00388602	0,00010902	0,00252118	0,00388015	0,00739138
LRP8	0,00163161	0,00021252	4,69E-06	0,0005462	0,00025678	0,0004268
LTK	5,11E-06	0	4,14E-07	3,33E-06	3,89E-05	8,73E-05
MET	0,00052682	0,00124094	1,35E-05	0,00061281	0,00255737	0,000485
MPL	0,00013298	0,00011764	2,76E-07	1,67E-05	7,78E-06	0,00035405
NCOR1	0,0128074	0,01644726	0,00031147	0,00994152	0,0082557	0,02461855
NGFR	6,14E-05	3,79E-06	7,87E-06	3,33E-06	0,00031902	0,00014065
NR1H4	0,0001023	7,59E-05	8,97E-06	1,33E-05	0,00013747	0,0001067

NR3C1	0,01013749	0,00667529	0,00059162	0,00401324	0,00591101	0,00702279
NR4A1	0,00247044	0,06309841	0,00018368	0,00231469	0,00086888	0,01326957
NR4A3	0,000624	0,00672463	4,57E-05	9,33E-05	0,00038646	0,00029585
NRP1	0,01233684	0,01265232	0,00014421	0,00105577	0,00384643	0,01554907
NRP2	0,00106899	0,0015028	3,70E-05	0,00339044	0,00080923	0,00096515
NTRK1	8,70E-05	3,79E-06	4,69E-06	1,67E-05	2,59E-06	7,76E-05
NTRK2	0,0010383	0,00106638	2,47E-05	0,00720385	0,00236285	0,00269659
NTRK3	0,00033246	2,66E-05	2,35E-06	0	0,00019193	2,91E-05
NUS1	0,00473628	0,0033737	0,00025517	0,00449949	0,00374269	0,00255595
OGFR	0,00816318	0,00338888	0,00012213	0,00343707	0,00313836	0,00721194
OGFRL1	0,0013861	0,0020265	9,22E-05	0,00062613	0,00127091	0,0021437
OPRD1	3,07E-05	0	1,52E-06	0	0	0
OPRM1	5,11E-06	0,0001518	0	6,66E-06	0	0,0018139
OR2AT4	0	0	0	0	0	0
OSMR	0,00124801	0,00078176	3,93E-05	0,00029641	0,0004539	0,0008051
P2RY1	0,00038872	0,00017077	0,00067111	7,66E-05	9,86E-05	0,00038315
PDGFRA	0,00348828	0,00283861	5,49E-05	0,0021082	0,00080404	0,0012125
PDGFRB	0,00776423	0,00334334	8,97E-05	0,00049957	0,0035326	0,00420979
PDGFRL	0,00209194	0,001351	2,80E-05	0,00189838	0,00116975	0,0007469
PEAR1	0,00034269	0,00018595	7,31E-06	7,99E-05	0,00011931	0,000485
PGR	0,006818	0,00270959	7,04E-06	0,00052622	7,78E-05	0,00465599
PIGR	0,00233234	0,00026944	0,00025876	4,00E-05	0,00011153	0,0016102
PLAUR	0,00068538	0,00065273	7,49E-05	9,33E-05	0,00040462	0,00046075
PPARGC1A	0,0002762	0,01473195	5,80E-06	0,00290086	9,60E-05	0,0013192
PROKR1	0	1,14E-05	0	3,33E-06	0	0
PROKR2	0,00073141	0,00025426	2,76E-07	0,00162195	0,0043107	2,91E-05
PTGIR	0,00013298	0,00054647	9,94E-06	4,33E-05	9,86E-05	0,0004171
PTPRJ	0,00669524	0,00428828	0,00031755	0,00206157	0,01011018	0,00705189
PTPRK	0,0016623	0,0062996	0,00024799	0,00026977	0,00594213	0,00195455
RACK1	0,30210422	0,20006148	0,01074701	0,36700349	0,13732259	0,17806738
RAMP2	0,00350362	0,00332816	8,69E-05	0,00066943	0,00351704	0,00333194
RORA	0,0079279	0,0078669	0,00016836	0,0051989	0,00309686	0,01121803
S1PR1	0,00226073	0,00308528	7,12E-05	0,0013655	0,00106341	0,00290029
SORL1	0,00921171	0,00474367	0,0006264	0,00680086	0,00746722	0,00960783
STRAP	0,02458161	0,01004899	0,00081256	0,0230037	0,01262605	0,01002978
TEC	0,00034269	0,00033395	1,23E-05	8,66E-05	0,0001634	0,00050925
TEK	0,00106387	0,00090699	2,94E-05	0,00034637	0,00064064	0,00094575
TGFBR1	0,00335018	0,01297489	0,00022108	0,0043796	0,00304499	0,00320584
TGFBR2	0,00726298	0,0096657	0,00017747	0,0090989	0,00291271	0,00864753
TGFBR3	0,00156001	0,00076278	0,00012779	0,00033638	0,00023084	0,0013483
TGFBR3L	0,00083882	8,73E-05	0,00010033	0,0002298	0,00132278	0,00085845
TGFBRAP1	0,00420435	0,00300939	6,91E-05	0,00111238	0,00203345	0,00500519
TIE1	0,00110479	0,00146105	2,15E-05	0,00056285	0,00047724	0,00140165
TNFRSF12A	0,00054217	0,00066411	0,0001006	0,00052622	0,00130722	0,0005335
TNFRSF4	0,00033246	0,00024667	5,52E-06	9,66E-05	3,37E-05	0,00044135
TNFRSF8	1,02E-05	3,04E-05	9,66E-07	0	1,30E-05	2,42E-05
TNFRSF9	5,11E-06	6,45E-05	1,38E-07	1,33E-05	1,82E-05	9,70E-06
TRPC4	0,0006905	0,00460705	5,80E-06	0,00127558	0,00939692	0,00080995
TRPV1	0,00015856	0,00027703	1,66E-06	9,66E-05	2,07E-05	0,00049955
TYRO3	0,00014321	0,00026944	4,55E-06	0,0001965	2,07E-05	0,0005626

ICGC_0432	ICGC_0433	ICGC_0449	ICGC_0434	ICGC_0452	ICGC_0435	ICGC_0453
0,00084118	0,0041483	0,00136003	0,01139329	0,00172357	0,00364117	0,00432816
0,00137362	0,004469	0,00130365	0,01648173	0,00279537	0,00270011	0,0008665
0,00010335	0,00018104	0,00020436	0,00608199	0,00031864	0,00041296	0,00056322
0,00063579	0,00305175	0,00181102	0,00494916	0,00154252	0,00505873	0,00610882
0,00023024	0,00139139	0,00143049	0,00481917	0,00056125	0,00072665	0,00133441
0,0008451	0,00590177	0,0015221	0,00354705	0,00142665	0,00331557	0,00196695
0,00040816	0,00628453	0,00198014	0,0034542	0,00157511	0,0026604	0,0015467
0	5,17E-05	3,52E-05	6,50E-05	8,69E-05	8,74E-05	6,50E-05
0,0001269	0,00037759	0,00081743	0,00163425	0,00064453	0,00056385	0,00025995
2,62E-06	5,17E-06	2,82E-05	0,00010214	7,97E-05	2,38E-05	5,20E-05
0,01175946	0,04158132	0,00373479	0,01169971	0,00806384	0,01195194	0,01324443
5,23E-06	4,66E-05	0,00020436	9,29E-06	0,00021002	2,78E-05	3,90E-05
0,00028388	0,00140173	7,75E-05	4,64E-05	6,88E-05	0,0017233	1,73E-05
2,22E-05	0,00013448	0,00100064	0,0012814	0,00168374	0,0002303	0,00023829
3,92E-05	0,00090001	0,00061307	0,0213009	0,00093058	0,00046458	0,00017763
0,00354785	0,00861213	0,003918	0,01187613	0,01027624	0,01048276	0,00512101
1,96E-05	7,76E-05	4,23E-05	0,00010214	5,79E-05	5,16E-05	1,73E-05
0	0	0,00024664	0,00027856	0,00012311	7,94E-06	0
5,10E-05	0,00034655	0,00023959	0,00964762	0,00017018	0,00070679	0,0001863
0,00091444	0,00427244	0,0048059	0,01530248	0,0029221	0,00512226	0,0060005
0,0245681	0,04066063	0,00489751	0,02344584	0,00832455	0,03867901	0,08742971
0,00051805	0,00551383	0,00131775	0,00441989	0,00164753	0,00292247	0,00168101
0,00107011	0,00574142	0,00204356	0,00644413	0,00195893	0,00429237	0,00840504
2,88E-05	0,00037759	0,00031711	4,64E-05	0,00026795	0,00030972	0,00013864
0,00174253	0,00945524	0,0020788	0,00751196	0,00229206	0,00780648	0,01019002
0,00016353	0,00126725	0,00032415	0,00133711	0,00051055	0,00096092	0,00097048
0,00054552	0,00204312	0,00670852	0,01133757	0,00403373	0,00129446	0,00108746
3,01E-05	1,03E-05	0,00124728	0,00649055	0,00128544	0,00044472	0,00039859
0,00013605	0,00017069	0,0011909	0,00010214	0,00027881	3,97E-05	0,0005329
1,96E-05	9,83E-05	0,0001057	0,00135568	0,00056487	0,00023427	9,96E-05
0,00016745	0,00380175	0,00106406	0,00254422	0,00103921	0,00114755	0,00290277
0,00229198	0,01556907	0,00210698	0,00609128	0,00278089	0,01071307	0,00279013
0,00046703	0,00256036	0,00052146	0,00170853	0,0003983	0,00082194	0,00082751
5,23E-06	0,00013448	9,87E-05	0,00053856	0,00015208	0,00011912	9,96E-05
0,01002478	0,00605177	0,0002255	0,00296207	0,00030778	0,02504348	0,00376494
0,00238878	0,01767943	0,00129661	0,00195924	0,00124923	0,00820753	0,00042025
0,00258371	0,01202077	0,01114094	0,0221273	0,00675306	0,0110069	0,01801451
0,00134876	0,00472245	0,0042633	0,01767956	0,00313936	0,00275173	0,00389924
0,00157508	0,00901041	0,00387572	0,00846836	0,00384182	0,00923198	0,00358297
2,62E-05	8,28E-05	0,00105702	0,00013928	0,00038744	0,00015883	0,00018197
0,00037153	0,00146898	0,00236067	0,00368634	0,00169098	0,00133814	0,00099647
0,00062663	0,00016035	0,01218386	0,00262779	0,0018503	0,00010324	0,00203627
2,75E-05	0,00049138	0,00067649	0,00160639	0,00027519	0,00066709	4,77E-05
0,01060431	0,02989159	0,03011085	0,09169414	0,04257507	0,0812573	0,02395002
3,53E-05	0,00015517	0,00014094	0,00021357	0,00015208	0,00010721	0,00011698
0,00043302	0,00222415	0,00097245	0,0036492	0,00250932	0,00304953	0,00193229
0,00220956	0,02469845	0,03049137	0,18539394	0,01141684	0,01126897	0,02739435
2,35E-05	0,00036724	0,00539078	0,00047356	0,00185755	0,00011118	0,00032927
7,46E-05	4,66E-05	0,00496093	6,50E-05	0,00157511	6,35E-05	0,00126942

0,00014259	7,24E-05	0,00396733	0,00233994	0,00063729	6,35E-05	0,00266882
8,37E-05	0,00039828	0,00133184	0,00058499	0,00058659	0,00033354	8,23E-05
0,00637881	0,04075373	0,00498207	0,00550629	0,00173081	0,02780315	0,00902025
1,18E-05	1,55E-05	0,00035234	0,00053856	0,00052142	3,57E-05	4,77E-05
0,00026295	0,00278278	0,00175465	0,00063141	0,00125647	0,00186625	0,00052423
0	0,00053794	0,00036643	0,00010214	0,00031502	1,19E-05	3,47E-05
0,00229721	0,00579314	0,00255093	0,01193185	0,00319367	0,00688924	0,00785914
9,42E-05	0,00036207	0,00085971	0,00206138	0,00034399	0,00052017	0,00040725
0,00040947	0,00247243	0,00057784	0,00296207	0,00095231	0,00148506	0,00191063
3,40E-05	0,00038276	7,05E-06	0,00013	5,43E-05	0,00069091	3,03E-05
2,49E-05	0,00024311	6,34E-05	0,00013928	0,00015208	6,35E-05	7,80E-05
0,00116561	0,00325347	0,00112044	0,00610056	0,00070971	0,00527712	0,00470076
0,00064495	0,00514659	0,00147982	0,00241423	0,00151718	0,00349425	0,00184564
0,00032051	0,00256036	0,00106406	0,02112447	0,00145924	0,00041693	0,00290277
0,00083594	0,00292761	0,0021845	0,01026974	0,00105007	0,00317262	0,00356997
4,45E-05	0,0007707	0,00015503	0,00061284	0,00045624	0,00049237	0,00056322
1,31E-06	2,07E-05	1,41E-05	0	0	1,59E-05	8,66E-06
0,00015568	0,00084828	0,00219859	0,01353823	0,0008473	0,0004209	0,00162035
0,00022894	0,0216467	0	0,13620874	0,0003114	5,56E-05	0,00032927
0	3,10E-05	0	0	0	4,76E-05	0
0,00245943	0,00829661	0,00052851	8,36E-05	0,00012311	0,03157932	0,00094448
3,92E-05	0,00116897	0,00084561	0,00317564	0,00047797	0,00011515	0,00014297
0	2,07E-05	0	0	0	0	0
0,00047226	0,00366209	0,00951314	0,01382608	0,00525761	0,00329572	0,01373834
0,00219255	0,0082242	0,00322742	0,01143971	0,00311763	0,0036372	0,00636443
0,0007496	0,00233278	0,00510186	0,017011	0,00174892	0,00232289	0,00431516
7,98E-05	0,00036207	0,00160666	0,00242351	0,00077488	0,00021442	0,00040725
0,00200286	0,01087249	0,00288918	0,0167603	0,00508743	0,01144368	0,00362196
0,01247897	0,03750026	0,00987252	0,03573054	0,0170981	0,03262363	0,0302538
0,00650832	0,02223119	0,01394556	0,04350248	0,00836076	0,01703052	0,00880796
0,00147042	0,01353113	0,00368546	0,00344491	0,00182134	0,01076866	0,00452312
0,00047095	0,00233278	0,00063421	0,00071498	0,00053952	0,00110784	0,00054589
0,01042378	0,02980365	0,01169764	0,04743024	0,01215189	0,02692561	0,03114196
0,00083725	0,00334658	0,01621462	0,01970379	0,00794435	0,00279143	0,00335768
0,00037807	0,01340699	0,00200833	0,00772552	0,00159684	0,01331787	0,00151637
6,54E-06	0,00011379	0,00023254	4,64E-05	0,00048159	3,97E-05	6,07E-05
0,0007339	0,00510521	0,00586996	0,00989832	0,00405184	0,00274776	0,00749955
7,33E-05	0,00019138	0,00053555	0,00132782	0,00097766	0,00035737	0,00023829
0,0036355	0,0121656	0,0045804	0,02293514	0,00545314	0,01021672	0,00808443
0,00056122	0,00015	5,64E-05	0,00054784	0,00014122	0,00014692	3,03E-05
0,00121402	0,00799143	0,00190967	0,00501416	0,00137596	0,00281923	0,00274247
6,93E-05	0,00048104	0,00105702	0,00011143	0,00030416	0,00233083	0,00023396
0,00182364	0,00631556	0,0039321	0,02047449	0,00394683	0,00385162	0,00650307
0,00015044	0,00124139	0,00031711	0,0010214	0,00016294	0,00071076	0,0008665
2,62E-06	5,17E-05	5,64E-05	0,00010214	0,00011225	4,37E-05	4,33E-06
0,00108581	0,00125173	0,00083857	0,00093783	0,00346162	0,00144138	0,00030761
6,54E-06	4,14E-05	6,34E-05	0,00031571	0	1,59E-05	0,00012564
0,00448714	0,01439493	0,02154902	0,07380101	0,01566783	0,01226563	0,01570095
0,00013867	0,00011379	5,64E-05	0,00197781	0,00071333	0,00032957	0,00029028
0,00011643	5,17E-05	0,00061307	5,57E-05	0,00012311	1,99E-05	7,80E-05



0,00196362	0,01024662	0,00393914	0,01696458	0,00374044	0,01142383	0,00821874
0,00232337	0,01923117	0,02505127	0,00634198	0,00657202	0,0164905	0,01878136
0,00069204	0,00252933	0,00136003	0,00040856	0,00050693	0,00177889	0,00193229
0,00312138	0,02300188	0,01326202	0,0121547	0,00661185	0,01442968	0,01217864
0,00085164	0,00577763	0,00187444	0,00323135	0,00159322	0,00969656	0,0013604
3,92E-06	6,21E-05	0,00013389	9,29E-06	5,79E-05	2,38E-05	8,66E-06
0,00480766	0,01179836	0,00147278	0,01009332	0,00330954	0,01300021	0,00148605
7,33E-05	0,00017586	0,00018322	0,00016714	9,78E-05	8,74E-05	0,00036393
0,0018341	0,00570004	0,00133889	0,00367705	0,00209653	0,00528109	0,00522932
0,00129512	0,00544659	0,00339654	0,01980593	0,00282796	0,00341087	0,00272081
0,00112506	0,00636729	0,00162076	0,00485631	0,00317195	0,00286688	0,00227456
5,23E-06	0	2,11E-05	0	0	0	0
1,44E-05	4,14E-05	0,0001057	0,00146711	6,88E-05	2,38E-05	0
0	0	0	0	0	0	0
0,0008922	0,00259657	0,00152915	0,00444775	0,00165839	0,00387148	0,0012261
0,00018969	0,00067759	0,00056374	0,00021357	0,00043089	0,00043678	0,00028595
0,00066849	0,00678625	0,00228315	0,00585914	0,00256363	0,0030535	0,0036133
0,00131082	0,0260588	0,00518642	0,00881192	0,00496794	0,00747294	0,00599617
0,00023809	0,00094139	0,00045099	0,00171781	0,00061556	0,00219185	0,00192363
0,00010858	0,00103449	0,00081743	0,00072427	0,00065177	0,00054002	0,00050257
0,00024725	0,00030518	0,00150096	0,00156925	0,00064091	0,00026207	0,0012001
3,79E-05	0,00133966	0,00430558	0,00219137	0,00282072	0,00056385	0,00107879
0,00043171	0,00327416	0,00221269	0,00215423	0,00080385	0,00272393	0,0011871
0,00140632	0,02371051	0,00166304	0,00554343	0,00119129	0,00570596	0,00139506
3,92E-06	2,07E-05	2,82E-05	1,86E-05	0	0	2,60E-05
0,00037022	0	0	0	0,00327696	0,0001628	0
8,76E-05	0,00113794	0,00144459	0,00131854	0,00076764	0,00049634	0,00026862
0,00121794	0,00688453	0,00188149	0,01373323	0,00194807	0,00211244	0,00919788
0,00092752	0,00955351	0,00559514	0,01229398	0,00485569	0,00531286	0,00107446
0,05492238	0,19420479	0,06627487	0,51029296	0,08926354	0,16691815	0,11680834
0,00177	0,00705522	0,00252274	0,00783695	0,00242241	0,00736573	0,00397723
0,00211275	0,01106387	0,01203588	0,00888621	0,00495707	0,01189238	0,00649441
0,00177	0,00786212	0,00178283	0,00605413	0,00202773	0,00981171	0,00350499
0,0016732	0,00544659	0,00665215	0,011384	0,00647787	0,00605538	0,01243859
0,00754835	0,02315706	0,00330494	0,01222898	0,00506932	0,01841234	0,02196141
8,11E-05	0,00038276	0,00021845	0,00244208	0,0002426	0,00032163	0,00030761
0,00046965	0,00267416	0,00084561	0,00139282	0,00082558	0,00331954	0,00198428
0,00712972	0,02404672	0,00150801	0,00658341	0,00276278	0,03571287	0,00676302
0,00448453	0,0135932	0,00631391	0,03219277	0,00642718	0,01258726	0,00838771
0,0004788	0,00140691	0,00252274	0,00634198	0,00166564	0,00281129	0,00156403
1,96E-05	0	4,93E-05	3,71E-05	0,0002245	0	6,93E-05
0,00050235	0,00233795	0,00299488	0,00734482	0,00131078	0,0020489	0,00416786
0,00060047	0,00414313	0,00270596	0,00482845	0,00175254	0,0040859	0,00150338
0,00105965	0,00621211	0,00272005	0,00231209	0,00094507	0,00384765	0,00074519
0,00016222	0,00153622	0,00023959	0,0007057	0,00036934	0,00044869	0,00047224
7,85E-06	1,55E-05	2,82E-05	9,29E-05	1,09E-05	0,00011515	0
3,92E-06	3,62E-05	1,41E-05	0,00018571	9,41E-05	6,75E-05	1,73E-05
0,00151229	0,00213105	0,0018533	0,00879335	0,00051055	0,00077827	0,00028595
6,93E-05	0,00028449	0,00069058	0,00248851	0,00090524	0,00039707	0,00072786
8,24E-05	0,00069311	0,00073286	0,00086355	0,00060832	0,00039707	0,00048957

ICGC_0436	ICGC_0455	ICGC_0437	ICGC_0456	ICGC_0457	ICGC_0459	ICGC_0492
0,00522288	0,00734204	0,00086744	0,00088924	0,00112613	0,00016885	0,00070069
0,00624045	0,00136318	0,00052898	0,00073951	0,00172554	0,00038895	0,00109466
0,00075233	0,00610641	0,00078002	0,00018807	0,00071326	0,00013963	4,22E-05
0,00475991	0,01545734	0,00136728	0,00387284	0,00163364	0,00015855	0,00335995
0,00076679	0,00507007	0,00073743	0,00033963	0,00065154	6,20E-05	0,00079919
0,0025608	0,00284594	0,00048191	0,00077786	0,00033468	8,00E-05	0,00178691
0,00489976	0,0041852	0,00213833	0,00112296	0,00087237	3,62E-05	0,00292378
0,00040028	3,99E-05	1,79E-05	3,10E-05	0	9,58E-07	1,69E-05
0,00048226	0,00078124	0,00032277	6,21E-05	0,000155	2,04E-05	0,00017447
0,00011092	7,97E-05	4,03E-05	1,28E-05	1,10E-05	2,63E-06	2,81E-05
0,01584707	0,0195708	0,00311783	0,01376949	0,0023908	0,00103968	0,00377362
0,00017361	0,00011161	8,97E-06	5,48E-06	1,51E-05	3,11E-06	1,13E-05
0,00012057	0,00016741	6,72E-06	0,00012782	1,37E-05	1,20E-06	4,22E-05
0,00086807	0,00027104	0,00017707	1,46E-05	0,00072423	0,00032477	5,63E-05
0,00127317	0,00011161	0,00010311	0,00088376	6,31E-05	5,27E-05	0,00014352
0,01132347	0,0127549	0,0045389	0,00188621	0,00174337	0,00025914	0,00313765
7,23E-05	2,39E-05	1,34E-05	1,28E-05	0,00098622	2,87E-06	6,75E-05
4,34E-05	0	8,97E-06	0	0	9,58E-07	3,38E-05
0,0022618	9,57E-05	1,34E-05	0,00031041	6,58E-05	1,68E-06	9,29E-05
0,00496246	0,01532979	0,00193884	0,00170544	0,00212332	0,00020214	0,00230751
0,12492947	0,05574688	0,01128562	0,02836431	0,00996096	0,0017522	0,02803339
0,00830452	0,00436855	0,00049984	0,0006756	0,0022262	5,51E-05	0,00093989
0,00650569	0,01489134	0,00102658	0,00247416	0,00203828	0,00020861	0,00385804
0,00043403	0,00018335	2,47E-05	4,20E-05	7,68E-05	1,20E-06	0
0,00820324	0,01930773	0,00213833	0,00251251	0,00272822	0,00030106	0,00380176
0,00501551	0,00174583	0,00024432	0,00016981	6,86E-05	3,95E-05	0,00059658
0,00192422	0,00253504	0,00201505	0,00028667	0,00019752	6,61E-05	0,00079637
7,23E-05	0,00121172	0,00307301	0,00034328	1,37E-06	0,00116638	0,00131415
4,82E-05	5,58E-05	0,00033173	4,75E-05	4,25E-05	2,59E-05	0,00038552
0,00043886	0,00016741	2,69E-05	2,01E-05	6,86E-06	4,55E-06	7,32E-05
0,00552188	0,00058991	0,00030708	0,00034328	0,00020026	7,78E-05	0,00031517
0,00735929	0,00790804	0,00151297	0,0019136	0,00112613	0,00024573	0,00276057
0,00095488	0,00951834	0,00032501	0,00032502	0,00245526	2,28E-05	0,00065567
0,008237	2,39E-05	2,47E-05	0,00010225	3,70E-05	4,07E-06	5,91E-05
0,01207579	0,02940801	0,00154883	0,0030256	0,00302176	0,00027088	0,00102431
0,00157217	0,00071746	8,07E-05	0,00662637	0,00187505	1,39E-05	0,0001801
0,0142122	0,03241339	0,00535703	0,0061005	0,0026473	0,00103417	0,00737558
0,00403652	0,0066166	0,00273455	0,00151189	0,00182979	0,00018993	0,00230751
0,00647675	0,01060251	0,00119693	0,00249973	0,00211647	0,0001552	0,00183194
0,00058354	0,00054208	6,50E-05	2,01E-05	5,62E-05	8,14E-06	3,66E-05
0,00220875	0,00136318	0,0007733	0,00063908	0,00068034	5,34E-05	0,00103275
0,00858905	0,00099648	0,00713448	0,00144615	0,00129759	5,27E-06	0,00361885
0,00031829	0,00018335	2,24E-06	7,49E-05	1,23E-05	4,07E-06	8,44E-06
0,01737101	0,01890117	0,04380882	0,01235621	0,00268845	0,00275979	0,0287791
0,00040992	5,58E-05	4,03E-05	3,65E-05	2,88E-05	2,87E-06	0,00024482
0,00247399	0,00143493	0,00023759	0,00048205	0,00155271	5,34E-05	0,00061627
0,01355633	0,00301335	0,01178322	0,0052843	0,00480902	0,00061624	0,01870487
0,00047744	0,00058991	0,00013	4,56E-05	0,00099582	2,40E-06	4,22E-05
0,00084878	0,00011958	0,00351009	3,10E-05	0,00168302	2,63E-06	0,01149813

0,00092594	7,17E-05	0,00544444	2,56E-05	0,00010013	9,34E-06	0,0044321
0,00024113	0,00028699	2,91E-05	3,65E-05	0,0001111	5,03E-06	4,78E-05
0,00864692	0,00823488	0,00425648	0,00972684	0,00368975	0,00068785	0,0087629
4,82E-05	1,59E-05	1,34E-05	1,10E-05	5,49E-06	1,44E-06	3,38E-05
0,00106097	0,00094067	0,0004057	0,00039075	0,00022084	4,29E-05	0,00056281
0,00015915	3,99E-05	0	1,10E-05	4,39E-05	0	0
0,01020462	0,00814719	0,00583445	0,00391119	0,00144847	0,0003262	0,00404939
0,00030865	0,00314887	0,00033397	0,00022094	0,00024964	3,23E-05	0,00025326
0,00407992	0,01168668	0,00023535	0,0008162	0,00148825	2,20E-05	0,00052904
0,00016397	0,00015944	2,91E-05	6,94E-05	0,00010425	2,40E-07	9,57E-05
0,00045332	0,00133926	8,97E-06	2,01E-05	4,39E-05	3,11E-06	3,38E-05
0,00402205	0,00647311	0,00245437	0,00212175	0,00136617	7,47E-05	0,00310106
0,00247399	0,00176974	0,00077554	0,00088559	0,00050477	0,00022202	0,00134511
0,00313469	0,00271839	0,0001838	0,00049118	7,41E-05	2,47E-05	0,00012663
0,00287427	0,01203744	0,00168556	0,00027024	0,00368152	0,0001255	0,00249323
0,00075233	0,00047034	5,38E-05	0,00015703	0,00019615	1,15E-05	0,00011819
1,45E-05	0,00097256	4,48E-06	1,83E-06	9,60E-06	9,58E-07	8,44E-06
0,00161075	0,00035873	0,00072174	0,00067378	7,82E-05	0,00045122	0,00455873
0,00295143	0	2,24E-05	0,00176204	2,47E-05	3,38E-05	1,69E-05
0	0	0	4,93E-05	1,37E-05	8,98E-05	8,44E-06
0,00013021	5,58E-05	0,00016363	0,00173831	4,25E-05	1,29E-05	0,00136199
0,00096934	8,77E-05	0,00033846	7,30E-05	2,61E-05	1,87E-05	0,00033487
4,82E-06	0,00021524	0	0	0	0	2,81E-06
0,00152394	0,0177612	0,00272334	0,0014425	0,00151019	0,00069983	0,00600514
0,01075922	0,01442898	0,00186263	0,0068601	0,00341679	0,00039829	0,0031883
0,00324561	0,00432869	0,0022885	0,00111566	0,00034429	0,00023639	0,00326991
0,00047262	0,00166611	0,00043932	4,56E-05	0,00010562	1,01E-05	0,00016884
0,00751361	0,00656877	0,00052225	0,00138042	0,00237159	8,65E-05	0,0009427
0,04484054	0,0315604	0,00535927	0,01420955	0,0022646	0,00096735	0,0176074
0,01770859	0,02128474	0,00667051	0,00534821	0,00532202	0,00036764	0,00872069
0,00536273	0,00247923	0,00290938	0,00310229	0,0006968	0,00044595	0,00426326
0,00142267	0,00870522	0,00040794	0,00013877	0,00127015	6,92E-05	0,00038552
0,03769345	0,07995727	0,01306084	0,01977687	0,0097415	0,00205422	0,01816458
0,00491423	0,00421709	0,00428114	0,00048936	0,00238119	0,00020501	0,00179817
0,00532415	0,01503484	0,00164073	0,00195742	0,00123449	0,00025699	0,00107215
3,86E-05	1,59E-05	1,79E-05	2,56E-05	7,54E-05	9,58E-07	1,69E-05
0,00264279	0,01133592	0,00528306	0,00102618	0,00065977	0,00041769	0,00639067
0,0008536	0,00023915	0,00011207	8,40E-05	6,72E-05	1,68E-05	0,00013507
0,01493559	0,00636151	0,00175504	0,00209437	0,00435089	0,00024525	0,00289845
0,00042439	0,00022321	2,02E-05	5,11E-05	1,51E-05	2,40E-07	0,00014633
0,00709405	0,0061941	0,00132469	0,002266	0,00079968	0,00010658	0,00396216
0,00017844	9,57E-05	7,85E-05	0,00011504	0,00099719	1,03E-05	8,16E-05
0,00836239	0,00853781	0,00449632	0,00230435	0,00217133	0,00026729	0,00485702
0,00065105	0,00454393	0,00019052	0,00082716	0,00020712	3,57E-05	0,00027296
3,86E-05	0,00236763	8,97E-06	1,83E-06	8,23E-06	4,79E-07	2,25E-05
0,00499139	0,04763955	0,00052001	0,00011686	0,00624926	1,03E-05	0,00012945
1,45E-05	7,97E-06	2,24E-05	1,64E-05	0	0	7,32E-05
0,01143439	0,02805281	0,00972782	0,0038911	0,00678421	0,00052715	0,00944671
0,00064141	0,00017538	1,79E-05	0,00018625	0,00350732	0,00021268	5,07E-05
0,00016397	0,00010363	3,59E-05	7,30E-06	2,33E-05	0	2,25E-05

0,01244713	0,01128809	0,00200384	0,0069587	0,00239354	0,0007597	0,00410849
0,00564244	0,00662458	0,00683189	0,00586678	0,00450315	0,00021986	0,0095255
0,00358802	0,00105228	0,00075312	0,00151919	0,00020026	5,01E-05	0,00125506
0,02160525	0,00998868	0,00417131	0,00627214	0,01094307	0,00045146	0,00805376
0,00370376	0,00501427	0,00152193	0,0095552	0,00071052	9,65E-05	0,00071195
4,82E-06	7,17E-05	0,00011207	9,13E-06	3,98E-05	5,03E-06	2,81E-05
0,01348881	0,00018335	2,69E-05	0,00679071	0,00054043	0,00020118	0,00229625
7,72E-05	0,00027901	1,34E-05	5,11E-05	3,43E-05	7,66E-06	9,29E-05
0,00620186	0,00659269	0,00156004	0,00307855	0,00143475	0,00034632	0,00269584
0,00801516	0,0103235	0,00196126	0,00197385	0,00136891	0,00021436	0,00363573
0,0127606	0,00813922	0,00061415	0,00115218	0,00120843	0,00013029	0,00110592
4,82E-06	0,00070949	0,00037656	0	0	1,27E-05	0,00025045
0	1,59E-05	0,00017483	3,65E-06	8,23E-06	6,47E-06	0,00011256
0	0	0	3,65E-06	0	0	0
0,0025174	0,0025749	0,00115882	0,0002319	0,00109458	6,25E-05	0,00077667
0,00039545	0,0001993	0,00011431	0,00040354	7,13E-05	0,00109141	0,00015477
0,01003101	0,00204876	0,00030259	0,00054779	0,00132776	2,40E-05	0,00035738
0,01931452	0,01124823	0,00211367	0,00232626	0,0034552	0,00027878	0,00222309
0,00164933	0,00448016	0,00060967	0,0002465	0,00098759	4,26E-05	0,00103838
0,00054013	0,0005102	0,00019949	0,00021181	0,00012482	2,23E-05	0,00018854
0,00081502	7,97E-05	0,00114537	0,00059343	7,96E-05	5,92E-05	0,00161807
0,00598967	0,00282202	0,00018156	3,47E-05	0,00015088	9,58E-06	0,00235253
0,00316363	0,00514979	0,00082261	0,0008089	0,00092724	6,85E-05	0,00071476
0,00215088	0,03302722	0,00060743	0,00249425	1,51E-05	5,96E-05	0,00010975
9,65E-06	3,19E-05	0	0	0	0	0
0,00407992	0	2,24E-06	7,30E-06	0	1,44E-06	8,44E-06
0,00138891	0,00063775	0,00031828	0,00017164	0,00024278	7,66E-06	0,00015196
0,01124148	0,00652094	0,00275248	0,00247964	0,00018243	0,00034488	0,00723488
0,00715674	0,00920744	0,00099071	0,00135486	0,00226186	5,36E-05	0,00143516
0,18961983	0,24498972	0,04533524	0,17180733	0,10274523	0,00791006	0,12973813
0,00439339	0,00533314	0,00110503	0,00123982	0,001897	0,00022729	0,00579691
0,00632243	0,00835446	0,00145245	0,00563671	0,00205337	0,0003832	0,00164902
0,00216535	0,00385039	0,00086519	0,00158858	0,00055826	0,00015161	0,00325865
0,01022874	0,01477974	0,00437528	0,00166892	0,00024964	0,00141786	0,00737558
0,0240262	0,02807672	0,00732949	0,01466603	0,00320556	0,00126841	0,01411518
0,00027971	0,00102836	0,00014794	7,49E-05	8,78E-05	7,30E-05	0,00018291
0,00167827	0,0013871	0,00023759	0,00059891	0,00039504	6,47E-05	0,00088923
0,02341855	0,01553706	0,00192315	0,01021802	0,00090529	0,00043925	0,00544234
0,01054221	0,00564404	0,00294076	0,00382902	0,001694	0,00043206	0,00579691
0,00184223	0,00082907	0,01411431	0,00117409	0,00101914	0,00107034	0,00091456
5,79E-05	7,97E-05	0,0001569	1,83E-05	6,86E-06	3,98E-05	0,00019135
0,00244506	0,00937485	0,00088761	0,00116678	0,00106989	7,50E-05	0,00147455
0,00169756	0,00302132	0,00094813	0,00072308	0,00047871	7,86E-05	0,00083858
0,00136962	0,00589117	0,00013673	0,00223862	0,00038544	0,00016286	0,00081326
0,00024595	0,00023118	0,00049087	0,00025016	0,00049791	3,66E-05	0,00093707
8,20E-05	7,97E-06	6,72E-06	7,30E-06	0	2,40E-07	1,69E-05
3,38E-05	5,58E-05	3,81E-05	3,65E-06	0	3,59E-06	2,25E-05
0,01179126	0,00057397	0,00048191	0,00036519	6,72E-05	1,05E-05	0,00030673
7,72E-05	0,00055006	0,00041467	3,65E-05	0,00030451	2,01E-05	0,0003011
0,00026042	0,00202484	0,00017483	6,39E-05	0,00014951	1,27E-05	0,00024201

ICGC_0491	ICGC_0497	ICGC_0501	ICGC_0500	ICGC_0443	ICGC_0489	mean
0,0054115	0,00060189	0,00312509	0,00356061	0,00128873	0,00185816	0,00278926
0,00297048	0,00191172	0,00615229	0,00124113	0,00179693	0,00075689	0,00276951
0,00041944	0,00010603	0,000497	0,00019668	3,65E-05	0,0003406	0,00083859
0,00545276	0,00147199	0,00464622	0,00270946	0,00117293	0,00294429	0,00345935
0,00239976	0,00027132	0,00094506	0,00134625	0,00069261	0,00087799	0,00127455
0,01406165	0,00026664	0,00504533	0,00116313	0,00043529	0,00062822	0,00210527
0,01424731	0,00017464	0,00386683	0,00243139	0,00040742	0,00166894	0,00261586
8,94E-05	1,09E-05	8,66E-05	1,70E-05	1,93E-05	7,19E-05	5,16E-05
0,00358246	0,00011539	0,00039534	0,00024077	5,15E-05	0,00076067	0,00048189
0,00010314	7,80E-06	2,64E-05	2,03E-05	1,07E-05	0,00011732	3,90E-05
0,01276207	0,00789635	0,04518208	0,01034952	0,00474105	0,03243642	0,01386813
0,00022691	0	5,27E-05	9,16E-05	0	3,41E-05	6,05E-05
0,00013065	7,64E-05	0,00360327	0,00021703	3,00E-05	1,14E-05	0,00047226
0,00128583	5,15E-05	0,00069656	0,0005324	6,43E-06	8,70E-05	0,00042339
0,00311488	0,0001263	0,00167927	0,00194308	0,00032379	0,00132834	0,00157128
0,02293184	0,00350533	0,01220669	0,00711445	0,00649724	0,00576748	0,00649447
6,19E-05	2,18E-05	0,00014308	0,00010173	0,00012437	2,27E-05	8,54E-05
3,44E-05	4,68E-06	0	0,00010851	0	0	4,19E-05
0,00102454	0,00022298	0,00124627	0,00036624	6,00E-05	5,30E-05	0,00071596
0,01214322	0,00068454	0,00412663	0,00529005	0,00132732	0,00585074	0,00462289
0,02393575	0,03900148	0,06344694	0,02333728	0,01071508	0,02889419	0,03288278
0,01417167	0,00029783	0,00430736	0,0011767	0,0003002	0,00086285	0,00234628
0,00765311	0,00148291	0,00658905	0,00404893	0,00171973	0,00339086	0,00416152
0,00123082	1,25E-05	0,00021838	0,00017294	1,50E-05	5,30E-05	0,00017689
0,01831109	0,00131294	0,00739857	0,00400145	0,00179693	0,00303512	0,00542745
0,00429757	0,00062217	0,00189388	0,00047814	0,00014581	0,0005601	0,00089374
0,01074737	0,00065647	0,00153619	0,00148868	0,00057682	0,00305026	0,0022869
0,00045382	4,68E-06	6,78E-05	0,00033232	0,00016726	7,95E-05	0,00281092
0,00052946	0,00045064	0,00020709	0,00027468	0,00299345	0,00071904	0,00057283
0,00135459	9,36E-06	0,0004104	0,00020007	2,57E-05	0,00031411	0,00023533
0,00242039	0,00014658	0,00124251	0,00150902	0,00010722	0,00038601	0,00118563
0,02966355	0,00075003	0,01069309	0,00162771	0,00130588	0,00265668	0,00473324
0,00125833	0,00045844	0,00173198	0,00108853	0,00042028	0,00061308	0,0011831
0,00019253	0,00014658	0,00033134	0,00034928	1,29E-05	0,00010218	0,00045239
0,00096266	0,04079469	0,0146164	0,00484583	0,0188763	0,00824629	0,01216735
0,00890457	0,00148602	0,00421323	0,00077655	0,00043101	0,00015138	0,00256985
0,02909971	0,00364879	0,00755294	0,01179072	0,00354882	0,02128368	0,01153812
0,00937214	0,00120535	0,00204449	0,00275015	0,00211214	0,00477218	0,00376453
0,02296622	0,0010385	0,00969156	0,00161754	0,00151602	0,00147972	0,00428973
0,00212472	3,43E-05	0,00021085	0,00019329	6,00E-05	0,00027248	0,00029598
0,0041463	0,00047715	0,00299331	0,00160397	0,00096279	0,00072661	0,00131909
0,01580131	0,00084203	0,00181105	0,01177037	0,00022301	0,00050333	0,00447367
0,0010933	0,00010136	0,00011672	0,00015599	0,0003967	0,00014002	0,00026856
0,06308834	0,00271476	0,02989924	0,03608767	0,00174117	0,05722071	0,03484377
0,00143711	4,83E-05	0,00111826	0,0001526	1,07E-05	0,00033682	0,00020075
0,00498518	0,0001263	0,00266198	0,00084777	0,00042672	0,00197548	0,00142956
0,07892403	0,0012303	0,01070062	0,02316773	0,01394655	0,01908871	0,02371959
0,00067386	1,25E-05	0,00056101	0,001214	4,50E-05	0,00128671	0,00068144
0,00522585	1,40E-05	0,00018449	0,00230931	2,79E-05	2,27E-05	0,00167913

0,00560403	6,86E-05	0,00012802	0,00298752	0,000416	0,00065849	0,00175946
0,00090077	2,34E-05	0,00039911	0,00078673	3,22E-05	7,57E-05	0,00029899
0,03248963	0,00191951	0,03004609	0,00494078	0,0015246	0,00212307	0,0093128
0,00054321	0	0,00012049	0,00010512	0	0,00011353	0,00010691
0,0055559	7,17E-05	0,00117473	0,00059683	0,00023373	0,00052604	0,00091199
0,00017878	0	2,26E-05	0,00016616	0	0	8,79E-05
0,00709615	0,0023187	0,00654387	0,00690081	0,0020521	0,00523009	0,0053177
0,00126521	0,00011539	0,00061372	0,00069517	0,00021658	0,00033682	0,00057674
0,0072268	0,00043505	0,00304603	0,00122078	0,00064758	0,00073797	0,00187622
0,00022691	9,36E-06	0,00051959	3,39E-06	4,29E-06	7,57E-06	0,00011085
0,00044695	1,87E-05	0,00019202	4,75E-05	2,14E-05	3,78E-05	0,00014174
0,00256479	0,00127396	0,00382165	0,00217706	0,00210571	0,00202089	0,00277277
0,01102929	0,00020271	0,00394967	0,00127843	0,00033666	0,00037466	0,00183717
0,00129959	0,00041166	0,00177716	0,00211263	0,0003774	0,00558205	0,00251454
0,00469639	0,00069857	0,00377647	0,0023907	0,00105714	0,00137375	0,00289516
0,00402253	8,26E-05	0,00100154	0,00027129	4,93E-05	0,000439	0,00047057
2,06E-05	0	3,77E-06	2,03E-05	0	7,57E-06	4,69E-05
0,00503332	0,00053328	0,00046312	0,00058665	0,00200492	0,00054496	0,00167079
0	0,00034461	0,00024097	0	5,15E-05	0,00071147	0,00635514
0	0	1,13E-05	0	0	0	1,25E-05
0,00105892	4,99E-05	0,01406669	0,0014785	3,00E-05	4,92E-05	0,00255698
0,00356183	7,17E-05	0,00050453	0,00050188	6,86E-05	0,00052604	0,00055942
6,88E-05	4,68E-06	3,77E-05	0	0	0	1,36E-05
0,01996136	0,00011383	0,00120109	0,0123672	0,0003195	0,00142295	0,00586738
0,01198507	0,00228127	0,00803112	0,00781979	0,00378041	0,00314865	0,0054713
0,01432294	0,00179477	0,00357315	0,0070568	0,00194488	0,00432561	0,00406769
0,00184967	7,17E-05	0,00029745	0,00032215	9,01E-05	0,00066228	0,00053055
0,02390825	0,00173551	0,00771861	0,00315369	0,00024874	0,00225931	0,00486708
0,0715322	0,01224371	0,03684976	0,01111929	0,00679744	0,01988344	0,02137935
0,03008987	0,00570552	0,01340025	0,009634	0,00909828	0,0088291	0,01320755
0,02051145	0,00063308	0,01015467	0,00395737	0,00142167	0,00085528	0,00442398
0,01023166	0,00037112	0,00804618	0,00030859	9,65E-05	0,00063957	0,00182059
0,03452496	0,01642578	0,03652972	0,01551749	0,02126076	0,02123827	0,02340224
0,01518246	0,00049742	0,00258291	0,00325542	0,00087916	0,00662277	0,00447168
0,00936527	0,00178385	0,00677731	0,00090202	0,00211643	0,00449591	0,00409988
0,00025442	7,80E-06	0,00046688	3,39E-06	2,14E-05	0,0017522	0,00014786
0,04050031	0,00173239	0,00550468	0,00443551	0,00121796	0,00141916	0,00566249
0,0008939	8,73E-05	0,00064008	0,00017973	6,65E-05	0,000632	0,0003325
0,03509568	0,00152345	0,01669102	0,00889814	0,00486114	0,00693688	0,00756544
1,38E-05	7,80E-05	0,00111826	4,75E-05	2,14E-06	7,57E-06	0,00014843
0,0089802	0,00338838	0,00252267	0,00361487	0,00423071	0,00290645	0,00358907
0,00063948	4,21E-05	0,0029519	0,00012208	1,50E-05	6,43E-05	0,00047717
0,00939965	0,00128955	0,00712747	0,00391328	0,00199635	0,00433697	0,00506674
0,00042632	0,00049586	0,00111073	0,00033911	0,00025517	0,00094611	0,00068657
7,56E-05	0	0,00012802	3,39E-06	0	0,00010975	0,00012589
0,00214535	0,00589731	0,00213485	0,00042727	0,00109145	0,00022707	0,00332081
0,00011689	3,12E-06	2,26E-05	9,83E-05	1,29E-05	0,00019301	6,84E-05
0,04020463	0,00314513	0,01369017	0,01480876	0,01005678	0,01813124	0,01539036
0,00333492	4,99E-05	0,00061749	0,00027468	8,15E-05	2,27E-05	0,00051264
0,00030255	0,00241381	0,00010919	0,00011191	0,0001308	9,08E-05	0,00019301

0,01690836	0,00350689	0,00941293	0,00546978	0,0048933	0,00451105	0,00675039
0,12184472	0,00501474	0,01244013	0,00225845	0,0044237	0,01212156	0,01439672
0,01685335	0,00107748	0,00075304	0,00018651	0,00010078	0,00194142	0,00179648
0,05566901	0,00159985	0,0152113	0,01379823	0,00344375	0,01161444	0,01127566
0,01195756	0,00040386	0,00450315	0,00103088	0,00146027	0,00230472	0,00288975
0,00055009	0	0	1,70E-05	0	0,0001211	5,58E-05
0,01708027	0,00251361	0,00565529	0,00143442	0,00114506	0,00151378	0,00435502
0,00113456	6,24E-06	0,00014308	5,76E-05	0,00094349	0,00188087	0,00024817
0,00504707	0,00227971	0,00590379	0,00334359	0,00283477	0,00186194	0,00336543
0,01247327	0,00199904	0,00679237	0,00325881	0,00284549	0,00381471	0,00473238
0,01370409	0,00134413	0,0063142	0,00205498	0,00048676	0,00095368	0,00306911
0	1,40E-05	1,13E-05	3,39E-06	3,00E-05	0	5,66E-05
9,63E-05	0	3,77E-06	0,00063413	1,93E-05	0,00301241	0,00029947
0	0	0	0	0	0	1,40E-07
0,01325027	0,00010136	0,00314392	0,00062056	0,00013938	0,00124887	0,00179874
0,00107267	3,27E-05	0,00067773	0,0003052	1,29E-05	0,00010975	0,00035493
0,03171951	0,00017152	0,00648739	0,00206177	0,0001501	0,00054118	0,00350403
0,04604933	0,00047247	0,01836275	0,00482548	0,00115364	0,0024069	0,00744133
0,00301174	0,00039295	0,0024436	0,00209907	0,00120724	0,00171814	0,0013574
0,00360996	2,81E-05	0,00087352	0,00028824	0,0001501	0,00018544	0,000482
0,00325928	0,0001263	0,00022215	0,00437108	0,00274256	0,00037466	0,00138487
0,0006326	4,21E-05	0,00161526	0,00155989	0,000208	0,00033682	0,00126522
0,00893207	0,00070013	0,00266574	0,0003052	0,00020585	0,00395852	0,00167624
0,0024754	0,00152501	0,00825326	0,00112244	0,00332153	0,0120875	0,00489211
0	0	0	0	1,93E-05	0	6,65E-06
0	4,68E-06	3,01E-05	0	1,29E-05	0,00191114	0,00064676
0,0026473	6,24E-05	0,00061749	0,00035267	0,00012437	0,000632	0,00054326
0,00713053	0,00186494	0,00509428	0,00438803	0,00291625	0,00320542	0,00472525
0,00814819	0,00205361	0,00516582	0,00343175	0,00791677	0,00180896	0,00411442
0,17745185	0,06976668	0,15296771	0,15165162	0,13904304	0,06394944	0,15542181
0,01567754	0,00106501	0,00603934	0,00294005	0,00127801	0,001703	0,0036955
0,01912247	0,00160453	0,01007937	0,00440838	0,00379113	0,00404935	0,00622409
0,01704588	0,00023858	0,00652128	0,00107497	0,00057682	0,00088556	0,00316696
0,00994974	0,00219863	0,01326094	0,01047838	0,0111611	0,00682334	0,00702128
0,01239763	0,00878672	0,02061809	0,00768753	0,00632355	0,00923403	0,01271232
0,00090765	0,00010292	0,0004217	0,00032893	0,00015225	0,0003898	0,00037009
0,00556965	0,00014346	0,00258667	0,00081046	0,00029377	0,00044278	0,0011747
0,01602134	0,01675479	0,0352345	0,00351992	0,00426073	0,01458144	0,00999767
0,04018401	0,00341333	0,01523389	0,00728061	0,0022215	0,00244475	0,00859265
0,00927588	0,00015593	0,00216121	0,00087489	0,00030664	0,00084015	0,00214369
0,00049508	0,00123809	0,00024474	0,00019668	0,0004503	0,00188844	0,00034236
0,00643604	0,00055356	0,00178846	0,00264164	0,00089417	0,0033568	0,00262715
0,00719241	0,00018556	0,00216121	0,00098341	0,00042886	0,00135861	0,00172096
0,00776313	0,00017776	0,00477424	0,00094272	0,00205853	0,00057145	0,00187697
0,00074262	0,00011851	0,00074927	0,00016277	0,00011365	0,00033682	0,00038476
0,00024066	6,24E-06	3,01E-05	3,05E-05	0	7,57E-06	3,02E-05
0,0001444	7,80E-06	3,39E-05	0	6,43E-06	1,89E-05	3,46E-05
0,00517084	0,00133945	0,0013517	0,00369287	0,002972	0,00628595	0,00257924
0,00203533	1,87E-05	0,00032757	0,00040354	9,43E-05	0,00094233	0,00046705
0,00123082	9,67E-05	0,00037652	0,00031198	3,65E-05	0,00022328	0,00039492

Highlight	SD	EntrezID	UNIPROT_GENE	UniProtKB	Entry.name	UNIPROT_PRC
no	0,00253461	90	ACVR1	ACVRL Q04771	ACVR1_HUMAN	Activin recept
no	0,00349511	91	ACVR1B	ACVR P36896	ACVR1B_HUMAN	Activin recept
no	0,00158464	130399	ACVR1C	ALK7 Q8NER5	ACVR1C_HUMAN	Activin recept
no	0,0030196	92	ACVR2A	ACVR P27037	ACVR2A_HUMAN	Activin recept
no	0,00125522	93	ACVR2B	Q13705	ACVR2B_HUMAN	Activin recept
no	0,00285259	94	ACVRL1	ACVR P37023	ACVRL1_HUMAN	Serine/threon
no	0,00288459	25960	ADGRA2	GPR1 Q96PE1	ADGRA2_HUMAN	Adhesion G pr
no	7,71E-05	2015	ADGRE1	EMR: Q14246	ADGRE1_HUMAN	Adhesion G pr
no	0,0007257	30817	ADGRE2	EMR: Q9UHX3	ADGRE2_HUMAN	Adhesion G pr
no	3,69E-05	84658	ADGRE3	EMR: Q9BY15	ADGRE3_HUMAN	Adhesion G pr
no	0,01383847	9289	ADGRG1	GPR: Q9Y653	ADGRG1_HUMAN	Adhesion G-pr
no	8,00E-05	134	ADORA1	P30542	ADORA1_HUMAN	Adenosine rec
no	0,00088603	136	ADORA2B	P29275	ADORA2B_HUMAN	Adenosine rec
no	0,00048798	150	ADRA2A	ADR: P08913	ADRA2A_HUMAN	Alpha-2A adre
no	0,00410971	154	ADRB2	ADRB2 P07550	ADRB2_HUMAN	Beta-2 adrene
no	0,00505177	196	AHR	BHLHE76 P35869	AHR_HUMAN	Aryl hydrocarb
no	0,00018753	238	ALK	Q9UM73	ALK_HUMAN	ALK tyrosine k
no	7,69E-05	269	AMHR2	AMHR2 Q16671	AMHR2_HUMAN	Anti-Muelleria
no	0,00188894	367	AR	DHTR NR3 P10275	AR_HUMAN	Androgen rece
no	0,00405495	405	ARNT	BHLHE2 P27540	ARNT_HUMAN	Aryl hydrocarb
no	0,02866523	10159	ATP6AP2	ATP6 O75787	ATP6AP2_HUMAN	Renin recepto
no	0,00312824	558	AXL	UFO P30530	AXL_HUMAN	Tyrosine-prote
no	0,00319377	657	BMPR1A	ACVR P36894	BMPR1A_HUMAN	Bone morpho
no	0,00025417	658	BMPR1B	O00238	BMPR1B_HUMAN	Bone morpho
no	0,00494613	659	BMPR2	PPH1 Q13873	BMPR2_HUMAN	Bone morpho
no	0,00122318	719	C3AR1	AZ3B C Q16581	C3AR1_HUMAN	C3a anaphylat
no	0,00297396	728	C5AR1	C5AR C P21730	C5AR1_HUMAN	C5a anaphylat
no	0,00673931	846	CASR	GPRC2A P41180	CASR_HUMAN	Extracellular c
no	0,00105342	887	CCKBR	NA	CCKBR_HUMAN	NA
no	0,00036264	729230	CCR2	CMKBR2 P41597	CCR2_HUMAN	C-C chemokin
no	0,00139235	958	CD40	TNFRSF: P25942	CD40_HUMAN	Tumor necros
no	0,00633311	22918	CD93	C1QR1 F Q9NPY3	CD93_HUMAN	Complement c
no	0,00181955	1952	CELSR2	CDHF: Q9HCU4	CELSR2_HUMAN	Cadherin EGF
no	0,00159389	1524	CX3CR1	CMKE P49238	CX3CR1_HUMAN	CX3C chemoki
no	0,01960723	92737	DNER	BET UN: Q8NFT8	DNER_HUMAN	Delta and Not
yes	0,00399449	1956	EGFR	ERBB ER P00533	EGFR_HUMAN	Epidermal gro
no	0,00861314	2060	EPS15	AF1P P42566	EPS15_HUMAN	Epidermal gro
no	0,00352074	58513	EPS15L1	EPS1 Q9UBC2	EPS15L1_HUMAN	Epidermal gro
no	0,00498464	2059	EPS8	Q12929	EPS8_HUMAN	Epidermal gro
no	0,00044621	54869	EPS8L1	DRC3 Q8TE68	EPS8L1_HUMAN	Epidermal gro
no	0,00103193	2064	ERBB2	HER2 NP04626	ERBB2_HUMAN	Receptor tyro
no	0,00596668	2065	ERBB3	HER3 P21860	ERBB3_HUMAN	Receptor tyro
no	0,00037843	2066	ERBB4	HER4 Q15303	ERBB4_HUMAN	Receptor tyro
no	0,030609	54206	ERRFI1	MIG6 Q9UJM3	ERRFI1_HUMAN	ERBB receptor
no	0,00033518	2099	ESR1	ESR NR3 P03372	ESR1_HUMAN	Estrogen rece
no	0,00123167	355	FAS	APT1 FAS P25445	FAS_HUMAN	Tumor necros
yes	0,03701564	2260	FGFR1	BFGFR P11362	FGFR1_HUMAN	Fibroblast gro
no	0,00110335	2263	FGFR2	BEK KG P21802	FGFR2_HUMAN	Fibroblast gro
no	0,00286867	2261	FGFR3	JTK4 P22607	FGFR3_HUMAN	Fibroblast gro



no	0,00285119	2264	FGFR4	JTK2	TP22455	FGFR4_HUMAN	Fibroblast gro	
no	0,00033911	53834	FGFRL1	FGFR5	Q8N441	FGRL1_HUMAN	Fibroblast gro	
yes	0,01073262	2321	FLT1	FLT FRT	P17948	VGFR1_HUMAN	Vascular endo	
no	0,00017467	2322	FLT3	CD135	FIP36888	FLT3_HUMAN	Receptor-type	
no	0,00114241	2324	FLT4	VEGFR3	P35916	VGFR3_HUMAN	Vascular endo	
no	0,00013593	2348	FOLR1	FOLR	P15328	FOLR1_HUMAN	Folate receptc	
no	0,00325777	10818	FRS2		Q8WU20	FRS2_HUMAN	Fibroblast gro	
no	0,00067355	10817	FRS3		O43559	FRS3_HUMAN	Fibroblast gro	
no	0,00251819	8321	FZD1		NA	NA	NA	
no	0,00017119	11211	FZD10		NA	NA	NA	
no	0,00027222	2535	FZD2		NA	NA	NA	
no	0,00179067	7976	FZD3		NA	NA	NA	
no	0,00223837	8322	FZD4		Q9ULV1	FZD4_HUMAN	Frizzled-4 (Fz-	
no	0,00416319	7855	FZD5		NA	NA	NA	
no	0,00274169	8323	FZD6		NA	NA	NA	
no	0,0007781	8324	FZD7		NA	NA	NA	
no	0,00018924	8326	FZD9		NA	NA	NA	
no	0,00272182	2690	GHR		P10912	GHR_HUMAN	Growth hormo	
no	0,02682097	2692	GHRHR		Q02643	GHRHR_HUM	Growth hormo	
no	2,48E-05	2693	GHSR		Q92847	GHSR_HUMAN	Growth hormo	
no	0,00667054	2852	GPER1	CEPR C	Q99527	GPER1_HUMAN	G-protein cou	
no	0,00088353	9402	GRAP2	GADS	O75791	GRAP2_HUMAN	GRB2-related	
no	4,39E-05	3359	HTR3A	5HT3R	P46098	5HT3A_HUMAN	5-hydroxytryp	
yes	0,00675262	3480	IGF1R		P08069	IGF1R_HUMAN	Insulin-like gr	
yes	0,0037065	3482	IGF2R	MPRI	P11717	MPRI_HUMAN	Cation-indepe	
no	0,00388845	84818	IL17RC	UNQ6	Q8NAC3	IL17RC_HUMAN	Interleukin-17	
no	0,00064224	54756	IL17RD	IL17RL	Q8NFM7	IL17RD_HUMAN	Interleukin-17	
no	0,00559862	3554	IL1R1	IL1R	IL1	P14778	IL1R1_HUMAN	Interleukin-1 r
no	0,01702062	3572	IL6ST		P40189	IL6RB_HUMAN	Interleukin-6 r	
no	0,00940717	3643	INSR		P06213	INSR_HUMAN	Insulin recepti	
no	0,00465976	3791	KDR	FLK1	VEG	P35968	VGFR2_HUMAN	Vascular endo
no	0,00278344	3815	KIT	SCFR		P10721	KIT_HUMAN	Mast/stem ce
no	0,01644292	3895	KTN1	CG1	KIA	Q86UP2	KTN1_HUMAN	Kinectin (CG-1
no	0,00511886	3903	LAIR1	CD305	Q6GTX8	LAIR1_HUMAN	Leukocyte-ass	
no	0,00433354	753	LDLRAD4	C18	O15165	LRAD4_HUMAN	Low-density li	
no	0,00035308	8549	LGR5	GPR49	C	O75473	LGR5_HUMAN	Leucine-rich r
no	0,00772803	3977	LIFR		P42702	LIFR_HUMAN	Leukemia inhi	
no	0,00034991	10859	LILRB1	ILT2	LII	Q8NHL6	LIRB1_HUMAN	Leukocyte imr
no	0,00778616	4035	LRP1	A2MR	AI	Q07954	LRP1_HUMAN	Prolow-densit
no	0,00025514	4036	LRP2			P98164	LRP2_HUMAN	Low-density li
no	0,00243553	4037	LRP3			NA	NA	NA
no	0,00077806	4038	LRP4	KIAA081	O75096	LRP4_HUMAN	Low-density li	
no	0,0040722	4040	LRP6			NA	NA	NA
no	0,00088623	7804	LRP8	APOER2	Q14114	LRP8_HUMAN	Low-density li	
no	0,00045913	4058	LTK	TYK1		P29376	LTK_HUMAN	Leukocyte tyr
no	0,00920845	4233	MET			P08581	MET_HUMAN	Hepatocyte gr
no	9,48E-05	4352	MPL	TPOR		P40238	TPOR_HUMAN	Thrombopoie
no	0,01477286	9611	NCOR1	KIAA1	O75376	NCOR1_HUM	Nuclear recep	
no	0,00094564	4804	NGFR	TNFRSF	P08138	TNR16_HUMAN	Tumor necros	
no	0,00046916	9971	NR1H4	BAR F	Q96RI1	NR1H4_HUMAN	Bile acid recep	

no	0,00450098	2908 NR3C1 GRL P04150	GCR_HUMAN Glucocorticoid
no	0,0252644	3164 NR4A1 GFRP1 P22736	NR4A1_HUMAN Nuclear receptor
no	0,00338258	8013 NR4A3 CHN C:Q92570	NR4A3_HUMAN Nuclear receptor
no	0,01096408	8829 NRP1 NRP VEGF16 O14786	NRP1_HUMAN Neuropilin-1 (CD
no	0,00317032	8828 NRP2 VEGF16 O60462	NRP2_HUMAN Neuropilin-2 (CD
no	0,00010892	4914 NTRK1 MTC T: P04629	NTRK1_HUMAN High affinity tyrosine
no	0,00486525	4915 NTRK2 TRKB Q16620	NTRK2_HUMAN BDNF/NT-3 growth factor
no	0,00043037	4916 NTRK3 TRKC Q16288	NTRK3_HUMAN NT-3 growth factor
no	0,00181632	116150 NUS1 C6orf68 Q96E22	NGBR_HUMAN Dehydrodolichyl
no	0,00431	11054 OGFR Q9NZT2	OGFR_HUMAN Opioid growth factor
no	0,0036196	79627 OGRL1 Q5TC84	OGRL1_HUMAN Opioid growth factor
no	0,00015843	4985 OPRD1 OPRD P41143	OPRD_HUMAN Delta-type opioid
no	0,00071225	4988 OPRM1 MOR1 P35372	OPRM1_HUMAN Mu-type opioid
no	7,16E-07	341152 OR2AT4 A6NND4	O2AT4_HUMAN Olfactory receptor
no	0,00261907	9180 OSMR OSMRE Q99650	OSMR_HUMAN Oncostatin-M receptor
no	0,00029278	5028 P2RY1 P47900	P2RY1_HUMAN P2Y purinoceptor
no	0,00626885	5156 PDGFRA PDGF P16234	PGFRA_HUMAN Platelet-derived
no	0,01015637	5159 PDGFRB PDGF P09619	PGFRB_HUMAN Platelet-derived
no	0,00102174	5157 PDGFRL PRLT: Q15198	PGFRL_HUMAN Platelet-derived
no	0,00069958	375033 PEAR1 MEGF1 Q5VY43	PEAR1_HUMAN Platelet endothelial
no	0,00173357	5241 PGR NR3C3 P06401	PRGR_HUMAN Progesterone receptor
no	0,00149897	5284 PIGR P01833	PIGR_HUMAN Polymeric immunoglobulin
no	0,00200568	5329 PLAU MO3 L: Q03405	UPAR_HUMAN Urokinase plasminogen
no	0,00793877	10891 PPARGC1A LE Q9UBK2	PRGC1_HUMAN Peroxisome proliferator
no	1,05E-05	10887 PROKR1 GPR7 Q8TCW9	PKR1_HUMAN Prokineticin receptor
no	0,00129829	128674 PROKR2 GPR7 Q8NFJ6	PKR2_HUMAN Prokineticin receptor
no	0,00061141	5739 PTGIR PRIPR P43119	PI2R_HUMAN Prostacyclin receptor
no	0,00361268	5795 PTPRJ DEP1 Q12913	PTPRJ_HUMAN Receptor-type tyrosine
no	0,00340658	5796 PTPRK PTPK Q15262	PTPRK_HUMAN Receptor-type tyrosine
no	0,1104143	10399 RACK1 GNB2L P63244	RACK1_HUMAN Receptor of activated
no	0,00330553	10266 RAMP2 O60895	RAMP2_HUMAN Receptor activator
no	0,00451514	6095 RORA NR1F1 P35398	RORA_HUMAN Nuclear receptor
no	0,00375165	1901 S1PR1 CHEDG P21453	S1PR1_HUMAN Sphingosine 1
no	0,00410877	6653 SORL1 C11orf: Q92673	SORL1_HUMAN Sortilin-related
no	0,00794979	11171 STRAP MAWD Q9Y3F4	STRAP_HUMAN Serine-threonine
no	0,00048532	7006 TEC PSCTK4 P42680	TEC_HUMAN Tyrosine-protein
no	0,001232	7010 TEK TIE2 VMC Q02763	TIE2_HUMAN Angiopoietin-2
no	0,01014621	7046 TGFB1 ALK5 P36897	TGFR1_HUMAN TGF-beta receptor
no	0,00909763	7048 TGFB2 P37173	TGFR2_HUMAN TGF-beta receptor
no	0,00314611	7049 TGFB3 Q03167	TGFR3_HUMAN Transforming growth
no	0,00048953	100507588 TGFB3L H3BV60	TGFR3L_HUMAN Transforming growth
no	0,00230606	9392 TGFB1AP1 Q8WUH2	TGFA1_HUMAN Transforming growth
no	0,00170707	7075 TIE1 TIE P35590	TIE1_HUMAN Tyrosine-protein
no	0,00210827	51330 TNFRSF12A FN Q9NP84	TNR12_HUMAN Tumor necrosis
no	0,00033792	7293 TNFRSF4 TXG: P43489	TNR4_HUMAN Tumor necrosis
no	5,22E-05	943 TNFRSF8 CD3: P28908	TNR8_HUMAN Tumor necrosis
no	4,57E-05	3604 TNFRSF9 CD1: Q07011	TNR9_HUMAN Tumor necrosis
no	0,00322507	7223 TRPC4 Q9UBN4	TRPC4_HUMAN Short transient
no	0,00059758	7442 TRPV1 VR1 Q8NER1	TRPV1_HUMAN Transient receptor
no	0,00044852	7301 TYRO3 BYK DT Q06418	TYRO3_HUMAN Tyrosine-protein

ensembl\_gene\_id  
ENSG00000115170  
ENSG00000135503  
ENSG00000123612  
ENSG00000121989  
ENSG00000114739  
ENSG00000139567  
ENSG00000020181  
ENSG00000174837  
ENSG00000127507  
ENSG00000131355  
ENSG00000205336  
ENSG00000163485  
ENSG00000170425  
ENSG00000150594  
ENSG00000169252  
ENSG00000106546  
ENSG00000171094  
ENSG00000135409  
ENSG00000169083  
ENSG00000143437  
ENSG00000182220  
ENSG00000167601  
ENSG00000107779  
ENSG00000138696  
ENSG00000204217  
ENSG00000171860  
ENSG00000197405  
ENSG00000036828  
NA  
ENSG00000121807  
ENSG00000101017  
ENSG00000125810  
ENSG00000143126  
ENSG00000168329  
ENSG00000187957  
ENSG00000146648  
ENSG00000085832  
ENSG00000127527  
ENSG00000151491  
ENSG00000131037  
ENSG00000141736  
ENSG00000065361  
ENSG00000178568  
ENSG00000116285  
ENSG00000091831  
ENSG00000026103  
ENSG00000077782  
ENSG00000066468  
ENSG00000068078

Accepted manuscript

ENSG00000160867  
ENSG00000127418  
ENSG00000102755  
ENSG00000122025  
ENSG00000037280  
ENSG00000110195  
ENSG00000166225  
ENSG00000137218  
NA  
NA  
NA  
NA  
ENSG00000174804  
NA  
NA  
NA  
NA  
ENSG00000112964  
ENSG00000106128  
ENSG00000121853  
ENSG00000164850  
ENSG00000100351  
ENSG00000166736  
ENSG00000140443  
ENSG00000197081  
ENSG00000163702  
ENSG00000144730  
ENSG00000115594  
ENSG00000134352  
ENSG00000171105  
ENSG00000128052  
ENSG00000157404  
ENSG00000126777  
ENSG00000276053  
ENSG00000168675  
ENSG00000139292  
ENSG00000113594  
ENSG00000277807  
ENSG00000123384  
ENSG00000081479  
NA  
ENSG00000134569  
NA  
ENSG00000157193  
ENSG00000062524  
ENSG00000105976  
ENSG00000117400  
ENSG00000141027  
ENSG00000064300  
ENSG00000012504

Accepted manuscript

ENSG00000113580  
ENSG00000123358  
ENSG00000119508  
ENSG00000099250  
ENSG00000118257  
ENSG00000198400  
ENSG00000148053  
ENSG00000140538  
ENSG00000153989  
ENSG00000060491  
ENSG00000119900  
ENSG00000116329  
ENSG00000112038  
ENSG00000171561  
ENSG00000145623  
ENSG00000169860  
ENSG00000134853  
ENSG00000113721  
ENSG00000104213  
ENSG00000187800  
ENSG00000082175  
ENSG00000162896  
ENSG00000011422  
ENSG00000109819  
ENSG00000169618  
ENSG00000101292  
ENSG00000160013  
ENSG00000149177  
ENSG00000152894  
ENSG00000204628  
ENSG00000131477  
ENSG00000069667  
ENSG00000170989  
ENSG00000137642  
ENSG00000023734  
ENSG00000135605  
ENSG00000120156  
ENSG00000106799  
ENSG00000163513  
ENSG00000069702  
ENSG00000260001  
ENSG00000135966  
ENSG00000066056  
ENSG00000006327  
ENSG00000186827  
ENSG00000120949  
ENSG00000049249  
ENSG00000133107  
ENSG00000196689  
ENSG00000092445

Accepted manuscript

Patient	Cohort	Isolation_Success	Count_per_vial_D0
B992	Method	yes	130000
B992	Method	yes	430000
B992	Method	yes	430000
B992	Method	yes	1000000
B586	Method	no	0
B719	Method	yes	1400000
B563m	Screen+Method	yes	1500000
B563m	Screen+Method	yes	4900000
B563m	Screen+Method	yes	2340000
B563m	Screen+Method	yes	137500
B931	Method	yes	470000
B931	Method	yes	470000
B849	Method	yes	400000
B849	Method	yes	1200000
P005	Method	no	175000
P030	Method	no	0
P030	Method	no	0
P032x	Method	no	177000
P032x	Method	no	73500
P032x	Method	no	73500
P033	Method	no	75000
P033	Method	no	75000
P035	Method	no	220000
P035	Method	no	220000
P040	Screen	yes	5150000
P040	Screen	yes	5150000
P044	Screen	yes	150000
P044	Screen	yes	150000
P049	Screen	yes	1350000
P049	Screen	yes	1350000
P050	Screen	yes	1750000
P050	Screen	yes	1750000
P051	Screen+Method	yes	80000
P051	Screen+Method	no	460000

## Detailed usage and comments

	Age	Grade_WHO
Histomorphological control of phenotype after culture	81	G1
Histomorphological control of phenotype after culture	81	G1
Histomorphological control of phenotype after culture	81	G1
Histomorphological control of phenotype after culture	81	G1
Necrotic tissue in mirror block	48	G2
Testing 3D culture conditions	63	G2
Histomorphological control of phenotype after culture in first isolation		
Successful drug screen in second isolation	65	G2
Histomorphological control of phenotype after culture in first isolation		
Successful drug screen in second isolation	66	G3
Histomorphological control of phenotype after culture in first isolation		
Successful drug screen in second isolation	67	G4
Histomorphological control of phenotype after culture in first isolation		
Successful drug screen in second isolation	68	G5
Successful Drug Screen	46	G2
Successful Drug Screen	46	G2
Testing 3D culture conditions	64	G1
Testing 3D culture conditions	64	G1
Fibroblast overgrowth	65	G2
Acellular fibrotic tissue in mirror block	79	G2
Acellular fibrotic tissue in mirror block	79	G2
Fibroblast overgrowth after 15 days in culture	49	G3
Synaptophysin IHC negative cells	49	G3
Synaptophysin IHC negative cells	49	G3
Synaptophysin IHC negative cells	67	G2
Synaptophysin IHC negative cells	67	G2
Acellular fibrotic tissue in mirror block	42	G2
Acellular fibrotic tissue in mirror block	42	G2
Successful drug screen	55	G2
Successful drug screen	55	G2
Successful drug screen	19	G2
Successful drug screen	19	G2
Successful drug screen	66	G1
Successful drug screen	66	G1
Successful drug screen	58	G1
Successful drug screen	58	G1
Fibroblast overgrowth in first isolation		
Successful drug screen in second isolation	25	G1
Fibroblast overgrowth in first isolation		
Successful drug screen in second isolation	25	G1

Sex	Ki67_pct	Size_cm	T	N	M	TNM_staging_ENETS	Site
female	2	2,3	T1	N0	M0		1 pancreas
female	2	2,3	T1	N0	M0		1 pancreas
female	2	2,3	T1	N0	M0		1 pancreas
female	2	2,3	T1	N0	M0		1 pancreas
female	5	2,5	NA	NA	M1		4 liver
female	5	5,5	T4	NA	M1		4 liver
male	15	18,1	T4	NA	M1		4 liver
male	15	18,1	T5	NA	M2		5 liver
male	15	18,1	T6	NA	M3		6 liver
male	15	18,1	T7	NA	M4		7 liver
female	5	2,8	T1	N0	M0		1 pancreas
female	5	2,8	T1	N0	M0		1 pancreas
female	1	2,4	T2	N0	M0		2A pancreas
female	1	2,4	T2	N0	M0		2A pancreas
female	3	3	T3	N1	M0		3B pancreas
male	7	4	T2	N1	M0		3A pancreas
male	7	4	T2	N1	M0		3A pancreas
male	25	3,2	T2	N1	M0		3A pancreas
male	25	3,2	T2	N1	M0		3A pancreas
male	25	3,2	T2	N1	M0		3A pancreas
male	7	3	T2	N1	M0		3A pancreas
male	7	3	T2	N1	M0		3A pancreas
male	4	2,2	T2	N0	M0		2A pancreas
male	4	2,2	T2	N0	M0		2A pancreas
female	10	2,5	T2	N0	M0		2A pancreas
female	10	2,5	T2	N0	M0		2A pancreas
female	18	3,5	T3	N1	M0		3A pancreas
female	18	3,5	T3	N1	M0		3A pancreas
female	1	3,5	T2	N0	M0		2A pancreas
female	1	3,5	T2	N0	M0		2A pancreas
male	1	2,5	T2	N1	M0		3A pancreas
male	1	2,5	T2	N1	M0		3A pancreas
female	1	7,5	T3	N0	M0		2B pancreas
female	1	7,5	T3	N0	M0		2B pancreas



**Hormone\_secretion**

NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF

NF

NF

NF

NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
Insulin

NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF

NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF  
NF

NF

NF

Accepted manuscript

Patient	Mean_Yield	Cell_Yield	Comment	Iso_Success	Age
B992	497500	>400000	Histomorphology	yes	81
B586	0	<400000	Necrotic tissue	no	48
B719	1400000	>400000	3D Culture Conditions	yes	63
B563m	2219375	>400000	Histomorphology+Successful Drug	yes	65
B931	470000	>400000	Successful Drug Screen	yes	46
B849	800000	>400000	3D Culture Conditions	yes	64
P005	175000	<400000	Fibroblast Overgrowth	no	65
P030	0	<400000	Acellular Fibrotic Tissue	no	79
P032x	108000	<400000	Fibroblast overgrowth	no	49
P033	75000	<400000	Synaptophysin(-) Cells	no	67
P035	220000	<400000	Acellular Fibrotic Tissue	no	42
P040	5150000	>400000	Successful Drug Screen	yes	55
P044	150000	<400000	Successful Drug Screen	yes	19
P049	1350000	>400000	Successful Drug Screen	yes	66
P050	1750000	>400000	Successful Drug Screen	yes	58
P051	365000	<400000	1Fibroblast overgrowth+2Successful	yes	25

Accepted manuscript

Age_gr	Grade_WHO	Sex	Ki67_pct	Larg_dim_cm	T_stage	N_stage
>65	G1	female		2	2,3 T1	N0
<50	G2	female		5	2,5 NA	NA
50<x<65	G2	female		5	5,5 T4	NA
>65	G2	male	15	18,1	T4	NA
<50	G2	female	5	2,8	T1	N0
50<x<65	G1	female	1	2,4	T2	N0
>65	G2	female	3	3	T3	N1
>65	G2	male	7	4	T2	N1
<50	G3	male	25	3,2	T2	N1
>65	G2	male	7	3	T2	N1
<50	G2	male	4	2,2	T2	N0
50<x<65	G2	female	10	2,5	T2	N0
<50	G2	female	18	3,5	T3	N1
>65	G1	female	1	3,5	T2	N0
50<x<65	G1	male	1	2,5	T2	N1
<50	G1	female	1	7,5	T3	N0

Accepted manuscript

M_stage	TNM_ENETS	TNM_AJCC	Site	Hormone_sec	Cohort	Tissue
M0	I	I	pancreas	NF	Method	ok
M1	IV	IV	liver	NF	Method	necrotic
M1	IV	IV	liver	NF	Method	ok
M1	IV	IV	liver	NF	Screen+Method	ok
M0	I	I	pancreas	NF	Method	ok
M0	IIA	II	pancreas	NF	Method	ok
M0	IIIB	III	pancreas	Insulin	Method	ok
M0	IIIA	III	pancreas	NF	Method	accelular-fibrc
M0	IIIA	III	pancreas	NF	Method	ok
M0	IIIA	III	pancreas	NF	Method	ok
M0	IIA	II	pancreas	NF	Method	accelular-fibrc
M0	IIA	II	pancreas	NF	Screen	ok
M0	IIIA	III	pancreas	NF	Screen	ok
M0	IIA	II	pancreas	NF	Screen	ok
M0	IIA	III	pancreas	NF	Screen	ok
M0	IIB	II	pancreas	NF	Screen+Method	ok

Accepted manuscript

otic-tissue

otic-tissue

Accepted manuscript

Micro-cell-block	Tumor cells [%]	degenerative/stressed tumor cells [%] (incl. loss of SYN)
B201654563m_191211_MCB_d0_HE_klKN	100	5
B201654563m_191211_MCB_d10_HE_klKN	100	2
B201819931_190206_MCB_d0_HE	60	5
B201819931_190206_MCB_d10_HE	95	0
P040_190227_MCB_d0_HE_1	100	20
P040_190227_MCB_d10_HE	100	60
P044_190213_MCB_d0_HE	100	30
P044_190213_MCB_d10_HE_1	100	10
P049_190130_MCB_d0_HE	95	2
P049_190130_MCB_d10_HE	100	0
P050_190213_MCB_d0_HE	100	20
P050_190213_MCB_d10_HE	100	0
P051_200115_MCB_d0_HE	95	40
P051_200115_MCB_d10_HE	70	0

	MEAN	SD
<b>D0</b>	92,85714286	14,67910728
<b>D10</b>	95	11,18033989

Accepted manuscript

**Other cells [%]    Single necrotic  
                          cells found**

0 no  
0 no  
40 found  
0 found  
0 no  
0 found  
0 no  
0 found  
5 no  
0 no  
0 no  
0 no  
5 found  
30 no

Accepted manuscript

## Comment

Other cells found incl. some aggregates of ductale cells/exocrine pancreas

Other cells found incl. some aggregates of ductale cells/exocrine pancreas

Other cells  $\Leftrightarrow$  stroma cells

Other cells  $\Leftrightarrow$  stroma cells

Accepted manuscript