Probeset ID	Gene Title	Gene Symbol	Comparison Treg immune vs Treg naive: Regulation Score	Ratio of Medians	unpaired Bayes T-test p	q
1417655_a_at	arsenate resistance protein 2	Srrt	2,22	2,22	1,01079E-08	0,00044871
1455790_at	E2F transcription factor 2	E2f2	2,50	2,50	9,23486E-09	0,00041012
1438774_s_at	phosphoglucomutase 2-like 1	Pgm2l1	4,04	4,04	7,0027E-08	0,003080277
1458699_at	Transcribed locus		7,82	7,82	8,93508E-12	4,01864E-07
1437395_at	zinc finger, CCHC domain containing 11	Zcchc11	2,05	2,05	3,55146E-08	0,001567082
1442615_at	Transcribed locus		3,14	3,14	5,33837E-09	0,00023759
1441295_at	lectin, mannose-binding 2-like	Lman2l	3,67	3,67	1,81546E-09	8,10601E-05
1418746_at	paroxysmal nonkinesiogenic dyskinesia	Pnkd	2,57	2,57	1,84326E-07	0,008060195
1457020_at			6,00	6,00	1,61894E-09	7,23085E-05
1431047_at	chromodomain helicase DNA binding protein 6	Chd6	3,27	3,27	9,02422E-09	0,000400793
1451092_a_at	RAN GTPase activating protein 1	Rangap1	2,36	2,36	6,37639E-09	0,000283577
1450093_s_at	zinc finger and BTB domain containing 7a	Zbtb7a	8,42	8,42	1,47623E-08	0,000654367
1434183_at	similar to sterile alpha motif domain containing 1 : ster	LOC546078 : Samd1	2,73	2,73	4,10729E-09	0,000182959
1449660_s_at	coronin, actin binding protein 1C	Coro1c	2,14	2,14	1,95405E-07	0,008542119
1453654_at	CCR4-NOT transcription complex, subunit 10	Cnot10	4,57	4,57	1,67665E-09	7,48809E-05
1442061_at	BTB (POZ) domain containing 7	Btbd7	3,07	3,07	2,25128E-08	0,000995675
1433570_s_at	MAK10 homolog, amino-acid N-acetyltransferase sub	Mak10	2,40	2,40	1,62923E-08	0,000721846
1438677_at	plakophilin 4	Pkp4	3,08	3,08	2,80637E-08	0,001239966
1460108_at	Transcribed locus		6,79	6,79	6,05294E-13	2,72485E-08
1457351_at	TAF2 RNA polymerase II, TATA box binding protein (T	Taf2	3,97	3,97	7,58617E-08	0,003335335
1417177_at	galactokinase 1	Galk1	2,92	2,92	8,29248E-10	3,70873E-05
1446914_at	expressed sequence C80425	C80425	4,24	4,24	3,17367E-08	0,001401557
1429606_at	ubiquitin-like domain containing CTD phosphatase 1	Ublcp1	2,52	2,52	1,37944E-07	0,006042485
1439324_at	RIKEN cDNA B430006D22 gene	B430006D22Rik : Tet3	3,29	3,29	1,9445E-08	0,000860771
1423021_s_at	insulin-like 3 : Janus kinase 3	Insl3 : Jak3	2,35	2,35	5,7776E-08	0,002543529
1430961_at	zinc finger protein 292	Zfp292	3,23	3,23	8,16084E-08	0,003586527
1421918_at	acidic (leucine-rich) nuclear phosphoprotein 32 family,	Anp32a	2,17	2,17	2,63593E-08	0,001165029
1454636_at	chromobox homolog 5 (Drosophila HP1a)	Cbx5	2,06	2,06	5,35397E-08	0,002357995
1430775_at	WD repeat domain 44	Wdr44	4,06	4,06	6,13634E-11	2,75522E-06
1426756_at	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-a	Galnt2	3,30	3,30	1,76323E-09	7,87403E-05
AFFX-GapdhMur/M3	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	Gapdh	2,29	2,29	8,85328E-09	0,000393227
1442009_at	eukaryotic translation initiation factor 2C, 3	Eif2c3	3,33	3,33	2,23787E-09	9,98491E-05
1457631_at	RIKEN cDNA 2310047N11 gene	2310047N11Rik	4,32	4,32	1,27588E-10	5,72512E-06
1438687_at	lymphocyte transmembrane adaptor 1	Lax1	2,37	2,37	1,01015E-08	0,000448435
1457343_at			2,58	2,58	9,55346E-08	0,004194444
1419248_at	regulator of G-protein signaling 2	Rgs2	2,30	0,44	1,54351E-08	0,000684083
1444902_at	Transcribed locus		3,41	3,41	7,12882E-09	0,000316919
1458318_at	RIKEN cDNA 3110047M12 gene	3110047M12Rik	3,19	3,19	2,63191E-08	0,001163332
1434208_at	ring finger protein 169	Rnf169	5,18	5,18	9,6515E-09	0,000428517
1451685_at	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax	Mllt6	3,78	3,78	3,08054E-08	0,00136052
1417519_at	pleiomorphic adenoma gene-like 2	Plagl2	3,27	3,27	6,25458E-11	2,80818E-06
1457122_at			3,61	3,61	1,69158E-08	0,000749404
1447504_at			6,38	6,38	2,12031E-08	0,000938196
1424956_at	AT hook, DNA binding motif, containing 1	Ahdc1	3,34	3,34	3,97471E-10	1,78E-05
1452373_at	RIKEN cDNA 1700081L11 gene : hypothetical protein	1700081L11Rik : LOC10004	2,55	2,55	1,32028E-08	0,000585467
1426539_at	ubiquitin specific peptidase 11	Usp11	2,95	2,95	2,40166E-08	0,001062015
1437473_at	avian musculoaponeurotic fibrosarcoma (v-maf) AS42	Maf	4,86	4,86	5,48546E-09	0,000244108
1419415_a_at	retinoic acid receptor, gamma	Rarg	2,41	2,41	4,57784E-09	0,000203856
1448370_at	Unc-51 like kinase 1 (C. elegans)	Ulk1	2,07	2,07	1,66322E-07	0,007276735
1444600_at			6,15	6,15	8,77021E-11	3,93686E-06
1418018_at	carboxypeptidase D	Cpd	8,05	8,05	1,86316E-09	8,3177E-05
1449120_a_at	pericentriolar material 1	Pcm1	2,26	2,26	9,38158E-08	0,004119826
1433685_a_at	RIKEN cDNA 6430706D22 gene : hypothetical protein	6430706D22Rik : A730008H	2,03	2,03	1,04135E-07	0,004569426
1418925_at	cadherin, EGF LAG seven-pass G-type receptor 1 (fla	Celsr1	2,70	2,70	2,77642E-09	0,000123803
1450656_at	guanine nucleotide binding protein, alpha 13	Gna13	2,22	2,22	1,79026E-08	0,000792834
1451003_at	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7 inter	Map3k7ip2	2,30	2,30	8,10576E-10	3,62554E-05
1445360_at	Transforming growth factor, beta 1	Tgfb1	5,42	5,42	8,34577E-12	3,75401E-07
1448187_at	polymerase (DNA directed), delta 1, catalytic subunit	Pold1	2,17	2,17	2,83448E-08	0,001252328
1456345_at	RIKEN cDNA A630057N01 gene	A630057N01Rik	5,17	5,17	3,99643E-11	1,79527E-06
1441529_at	hypothetical gene LOC77671		3,69	3,69	8,40398E-08	0,003692458
1422546_at	interleukin enhancer binding factor 3	Ilf3	3,96	3,96	2,32472E-09	0,00010371
1423430_at	MYB binding protein (P160) 1a	Mybbp1a	2,25	2,25	1,05535E-07	0,004630553
1440280_at	coiled-coil domain containing 45	Ccdc45	2,44	2,44	2,21585E-08	0,000980072
1433468_at	RIKEN cDNA 6430527G18 gene	6430527G18Rik	2,69	2,69	9,36163E-09	0,000415713
1457782_at	talin 1	Tln1	2,18	2,18	1,24587E-07	0,005461754
1452393_at	AT-hook transcription factor	Akna	2,20	2,20	3,48898E-08	0,001539842
1448075_at	expressed sequence AA408251	AA408251	3,36	3,36	3,48902E-08	0,001539842
1437554_at	plectin 1	Plec1	4,60	4,60	4,16274E-08	0,001835391
1425276_at	fibrosin	Fbrs	2,86	2,86	6,67834E-08	0,002938134
1425565_at	RE1-silencing transcription factor	Rest	5,86	5,86	3,04833E-10	1,36577E-05
1452097_a_at	dual specificity phosphatase 7	Dusp7	2,35	2,35	7,79785E-08	0,003427933
1451242_a_at	protein phosphatase 5, catalytic subunit	Ppp5c	2,25	2,25	2,61071E-09	0,000116433
1425156_at	guanylate binding protein 6	Gbp6	2,65	2,65	2,60822E-08	0,001152886
1439988_at	Mitochondrial ribosomal protein L15	Mrpl15	2,71	2,71	9,33944E-08	0,00410151
1452098_at	CTF18, chromosome transmission fidelity factor 18 hc	Chtf18	3,10	3,10	3,21608E-08	0,001420223
1426897_at	regulator of chromosome condensation 2	Rcc2	2,29	2,29	1,11882E-08	0,000496419
1432216_s_at	membrane protein, palmitoylated 7 (MAGUK p55 subf	Mpp7	2,26	2,26	1,13051E-07	0,004958175
1433736_at	host cell factor C1	Hcfc1	2,09	2,09	2,53353E-08	0,001120076
1418129_at	24-dehydrocholesterol reductase	Dhcr24	7,89	7,89	9,67004E-14	4,35471E-09
1424666_at	G patch domain containing 8 : predicted gene, ENSMI	Gpatch8	2,17	2,17	2,02004E-08	0,00089401
1425717_at	LPS-responsive beige-like anchor	Lrba	5,50	5,50	7,07074E-10	3,16338E-05
1417930_at	Ngfi-A binding protein 2	Nab2	2,46	2,46	2,90801E-10	1,30314E-05
1418481_at	protein kinase, membrane associated tyrosine/threoni	Pkmyt1	2,47	2,47	2,06659E-09	9,22255E-05
1452830_s_at	carbamoyl-phosphate synthetase 2, aspartate transca	Cad	2,31	2,31	1,01498E-07	0,004454956
1429694_at	RIKEN cDNA 4930402H24 gene	4930402H24Rik	2,86	2,86	1,1709E-07	0,005134281
1441081_a_at	RIKEN cDNA 1110038B12 gene	1110038B12Rik	2,26	2,26	2,18714E-08	0,000967483
1424203_at	nicalin homolog (zebrafish)	Ncln	2,71	2,71	2,00698E-08	0,000888248
1423667_at	methionine adenosyltransferase II, alpha	Mat2a	2,00	2,00	3,83272E-08	0,00169065
1416801_at	transient receptor potential cation channel, subfamily I	Trpm7	5,52	5,52	6,22272E-10	2,78454E-05
1452416_at	interleukin 6 receptor, alpha	Il6ra	3,13	3,13	1,77438E-09	7,92367E-05
1460692_at	euchromatic histone lysine N-methyltransferase 2	Ehmt2	2,66	2,66	5,82671E-10	2,60751E-05
AFFX-MURINE_b1_at			2,56	2,56	3,93897E-08	0,001737399
1417656_at	myeloblastosis oncogene-like 2	Mybl2	4,08	4,08	4,30243E-09	0,00019163
1439615_at	giant axonal neuropathy	Gan	4,99	4,99	4,46199E-12	2,00754E-07
1424874_a_at	polypyrimidine tract binding protein 1	Ptbp1	2,30	2,30	1,34008E-09	0,000059884
1448635_at	structural maintenance of chromosomes 2	Smc2	2,04	2,04	2,55842E-08	0,001130948
1455759_a_at	eukaryotic translation initiation factor 4E binding prote	Ankhd1 : Eif4ebp3	2,59	2,59	4,78972E-08	0,00211059
1423974_at	nuclear mitotic apparatus protein 1	Numa1	2,10	2,10	1,03014E-07	0,004520868
1458862_at	expressed sequence C78704	C78704	5,37	5,37	5,13209E-10	2,29733E-05
1426366_at	eukaryotic translation initiation factor 2C, 2	Eif2c2	4,48	4,48	5,21741E-10	2,33537E-05
1420934_a_at	serine/arginine repetitive matrix 1	Srrm1	2,27	2,27	1,62989E-07	0,007131112
1449258_at	DNA segment, Chr 11, Wayne State University 99, ex	D11Wsu99e	2,07	2,07	4,37618E-08	0,001929109
1428106_at	RIKEN cDNA 1300001I01 gene	1300001I01Rik	2,05	2,05	2,23286E-07	0,009753122
1436306_at	SAPS domain family, member 1	Saps1	2,91	2,91	6,77374E-09	0,000301174
1451182_s_at	ankyrin repeat domain 54	Ankrd54	2,33	2,33	1,53434E-08	0,000680035
1448569_at	RIKEN cDNA 2410014A08 gene	Mlec	2,21	2,21	1,04713E-08	0,000464746
1417548_at	squamous cell carcinoma antigen recognized by T-cel	Sart3	3,76	3,76	9,46066E-08	0,004154177
1417324_at	microtubule associated serine/threonine kinase 2	Mast2	2,42	2,42	1,36335E-07	0,005973088
1455101_at	phosphatase and actin regulator 2	Phactr2	2,56	2,56	1,75745E-07	0,007686563
1453013_at	zinc finger protein 740	Zfp740	2,31	2,31	1,70142E-08	0,00075373
1456099_at	RIKEN cDNA D930017J03 gene	D930017J03Rik	2,84	2,84	1,96869E-08	0,000871442
1423546_at	zinc finger protein 207	Zfp207	5,94	5,94	2,68341E-10	1,20276E-05
1452154_at	isoleucine-tRNA synthetase	Iars	2,24	2,24	2,25713E-08	0,000998237
1434554_at	tripartite motif-containing 37	Trim37	2,64	2,64	8,98725E-08	0,003947559
1440348_at	zinc finger, FYVE domain containing 9	Zfyve9	2,91	0,34	5,6584E-09	0,000251737
1437967_at	Transcribed locus, moderately similar to XP_001066067.1 PREDICTED: hypothetic		2,19	2,19	2,168E-07	0,009471112
1425686_at	CASP8 and FADD-like apoptosis regulator	Cflar	2,68	2,68	6,21089E-08	0,002733164
1437474_at	GATA zinc finger domain containing 2B	Gatad2b	2,25	2,25	1,86634E-08	0,000826361
1435631_x_at	exocyst complex component 6	Exoc6	2,40	0,42	5,48207E-09	0,000243963

Probeset ID	Comparison Tconv immune vs Tconv naive: Regulation Score	Ratio of Medians	unpaired Bayes T-test p	q	Comparison Treg naive vs Tconv naive: Regulation Score	Ratio of Medians	unpaired Bayes T-test p	q	Comparison Treg immune vs Tconv immune: Regulation Score	Ratio of Medians	unpaired Bayes T-test p	q	Median Signals: Tc naive	Treg naive	Tc immune
1417655_a_at	1,00	1,00	0,2425388	0,9999446	1,00	1,00	0,4435377	0,9999979	2,24	2,24	2,76489E-09	0,000119745	1010,20	1016,34	1005,55
1455790_at	1,03	0,97	0,897453	0,9999446	1,01	1,01	0,9774449	0,9999979	2,45	2,45	4,08976E-08	0,001741952	92,88	94,17	95,33
1438774_s_at	1,01	1,01	0,2588136	0,9999446	1,01	0,99	0,5614616	0,9999979	4,03	4,03	4,97794E-11	2,19099E-06	20,51	22,15	20,38
1458699_at	1,03	1,03	0,5638976	0,9999446	1,01	1,01	0,8757084	0,9999979	8,11	8,11	3,55271E-15	1,5919E-10	15,35	15,97	14,95
1437395_at	1,09	1,09	0,133929	0,9999446	1,01	0,99	0,6059583	0,9999979	2,19	2,19	7,23844E-09	0,000311897	484,22	479,21	445,80
1442615_at	1,04	0,96	0,9724949	0,9999446	1,01	1,01	0,8726823	0,9999979	3,08	3,08	5,19062E-10	2,26529E-05	8,70	8,90	9,02
1441295_at	1,08	0,93	0,7500698	0,9999446	1,02	0,98	0,9061989	0,9999979	3,35	3,35	1,01562E-10	4,4596E-06	27,27	26,99	29,36
1418746_at	1,02	1,02	0,4982284	0,9999446	1,02	1,02	0,7367766	0,9999979	2,69	2,69	1,16723E-07	0,004935611	45,46	47,24	44,49
1457020_at	1,10	1,10	0,3073071	0,9999446	1,03	0,97	0,9288605	0,9999979	6,42	6,42	3,34177E-13	1,48909E-08	118,31	136,72	107,42
1431047_at	1,12	0,89	0,2610002	0,9999446	1,03	1,03	0,7225333	0,9999979	3,02	3,02	7,36707E-11	3,23812E-06	11,22	11,92	12,57
1451092_a_at	1,07	0,93	0,1033194	0,9999446	1,03	0,97	0,9152249	0,9999979	2,13	2,13	6,73023E-05	0,9999933	277,17	268,97	297,06
1450093_s_at	1,21	1,21	0,3507844	0,9999446	1,04	0,96	0,9118763	0,9999979	9,81	9,81	4,03011E-14	1,80118E-09	35,44	46,62	29,33
1434183_at	1,20	0,83	0,1541231	0,9999446	1,04	0,96	0,8469148	0,9999979	2,18	2,18	0,000053222	0,9999933	142,46	136,67	171,31
1449660_s_at	1,23	0,81	0,1477924	0,9999446	1,05	0,96	0,7817739	0,9999979	1,66	1,66	9,20547E-05	0,9999933	307,33	294,14	378,66
1453654_at	1,01	0,99	0,7991467	0,9999446	1,05	1,05	0,7105065	0,9999979	4,73	4,73	2,1505E-13	9,58887E-09	11,84	13,74	12,00
1442061_at	1,10	1,10	0,8604823	0,9999446	1,05	0,95	0,8348466	0,9999979	3,21	3,21	2,87663E-10	1,25867E-05	31,07	29,88	28,34
1433570_s_at	1,14	0,88	0,155346	0,9999446	1,06	0,95	0,8768783	0,9999979	2,00	2,00	1,4945E-07	0,006306797	215,61	208,08	244,96
1438677_at	1,17	1,17	0,08597043	0,9999446	1,06	0,95	0,4400309	0,9999979	3,41	3,41	6,38223E-11	2,80652E-06	167,53	167,26	142,88
1460108_at	1,05	0,95	0,5485322	0,9999446	1,06	0,94	0,2673546	0,9999979	6,11	6,11	2,77556E-14	1,24101E-09	12,77	12,29	13,40
1457351_at	1,07	1,07	0,6941252	0,9999446	1,06	1,06	0,5131699	0,9999979	4,51	4,51	6,58111E-11	2,89352E-06	9,10	9,74	8,51
1417177_at	1,24	0,81	0,2791185	0,9999446	1,07	0,94	0,5470142	0,9999979	2,21	2,21	2,35815E-07	0,009910852	186,90	176,90	231,57
1446914_at	1,16	1,16	0,8022444	0,9999446	1,07	1,07	0,3107817	0,9999979	5,26	5,26	6,77236E-15	3,03253E-10	9,61	11,40	8,30
1429606_at	1,03	0,97	0,7396455	0,9999446	1,07	1,07	0,9974356	0,9999979	2,62	2,62	1,602E-10	7,02446E-06	7,80	8,49	8,05
1439324_at	1,10	1,10	0,6916744	0,9999446	1,07	0,93	0,6004987	0,9999979	3,38	3,38	2,35694E-09	0,000102147	47,70	45,45	43,36
1423021_s_at	1,02	0,98	0,5755719	0,9999446	1,07	0,93	0,750125	0,9999979	2,15	2,15	5,76195E-07	0,02403308	1177,05	1098,19	1201,65
1430961_at	1,08	1,08	0,1754752	0,9999446	1,07	1,07	0,9344822	0,9999979	3,74	3,74	2,09E-12	9,27728E-08	21,89	25,62	20,30
1421918_at	1,08	0,93	0,9336722	0,9999446	1,08	0,93	0,2808655	0,9999979	1,87	1,87	2,2221E-06	0,09130377	421,57	395,70	454,34
1454636_at	1,05	0,95	0,9632739	0,9999446	1,08	1,08	0,6001	0,9999979	2,12	2,12	9,74449E-08	0,00412757	460,57	497,53	484,25
1430775_at	1,09	1,09	0,9450815	0,9999446	1,08	1,08	0,8354725	0,9999979	4,78	4,78	2,97407E-12	1,31897E-07	12,35	13,61	11,34
1426756_at	1,22	0,82	0,04033597	0,9999446	1,08	0,92	0,698522	0,9999979	2,49	2,49	5,17213E-08	0,002199861	166,29	160,43	203,42
AFFX-GapdhMur/M3	1,18	0,85	0,02374094	0,9999446	1,08	0,92	0,658668	0,9999979	1,80	1,80	5,23876E-06	0,2130759	3255,57	3087,06	3828,87
1442009_at	1,15	1,15	0,8264698	0,9999446	1,09	1,09	0,3340374	0,9999979	4,15	4,15	6,65557E-12	2,94655E-07	19,89	21,98	17,34
1457631_at	1,08	1,08	0,343303	0,9999446	1,09	1,09	0,7131747	0,9999979	5,11	5,11	1,77636E-13	7,92273E-09	6,83	7,48	6,32
1438687_at	1,08	0,93	0,39178	0,9999446	1,10	0,91	0,8166189	0,9999979	2,01	2,01	6,46617E-06	0,2622874	170,62	155,40	183,93
1457343_at	1,23	1,23	0,2488121	0,9999446	1,10	0,91	0,7624906	0,9999979	2,89	2,89	3,99118E-10	1,74379E-05	9,56	8,70	7,76
1419248_at	1,02	0,98	0,05814375	0,9999446	1,10	0,91	0,7468143	0,9999979	2,58	0,39	2,36681E-09	0,000102568	598,53	543,20	610,90
1444902_at	1,04	0,96	0,8036984	0,9999446	1,10	0,91	0,3918545	0,9999979	2,98	2,98	1,52679E-08	0,00065478	22,32	20,24	23,14
1458318_at	1,09	1,09	0,1369174	0,9999446	1,11	1,11	0,4804228	0,9999979	3,84	3,84	8,23563E-13	3,66247E-08	5,37	6,10	4,93
1434208_at	1,18	0,84	0,7349111	0,9999446	1,11	1,11	0,6946405	0,9999979	4,84	4,84	5,4281E-12	2,40432E-07	29,68	38,36	35,17
1451685_at	1,17	1,17	0,5751261	0,9999446	1,11	1,11	0,5402439	0,9999979	4,90	4,90	5,8511E-12	2,59128E-07	23,73	26,88	20,36
1417519_at	1,14	1,14	0,2169286	0,9999446	1,11	1,11	0,5591586	0,9999979	4,15	4,15	1,43636E-11	6,34427E-07	205,95	231,14	180,27
1457122_at	1,18	1,18	0,06349202	0,9999446	1,11	1,11	0,7461882	0,9999979	4,73	4,73	4,10783E-14	1,83579E-09	12,87	15,14	10,93
1447504_at	1,21	1,21	0,06386145	0,9999446	1,11	0,90	0,5319914	0,9999979	6,94	6,94	2,34257E-12	1,03956E-07	20,24	23,99	16,72
1424956_at	1,24	1,24	0,5374016	0,9999446	1,11	0,90	0,4205792	0,9999979	3,73	3,73	1,10348E-07	0,004669245	110,09	99,47	88,52
1452373_at	1,10	0,91	0,6277301	0,9999446	1,11	0,90	0,3640817	0,9999979	2,07	2,07	5,35445E-05	0,9999933	576,66	519,79	635,32
1426539_at	1,04	0,96	0,543237	0,9999446	1,12	0,89	0,6080824	0,9999979	2,54	2,54	1,5753E-07	0,006644135	82,18	74,16	85,40
1437473_at	1,00	1,00	0,1376628	0,9999446	1,12	0,89	0,3637402	0,9999979	4,34	4,34	1,23124E-10	5,40353E-06	106,82	109,07	106,55
1419415_a_at	1,22	0,82	0,03687362	0,9999446	1,13	1,13	0,316922	0,9999979	2,22	2,22	9,14774E-06	0,3691662	303,36	342,08	371,38
1448370_at	1,05	1,05	0,8268188	0,9999446	1,13	0,89	0,3677212	0,9999979	1,91	1,91	0,000107954	0,9999933	200,29	177,78	191,59
1444600_at	1,02	0,98	0,2301152	0,9999446	1,13	1,13	0,7155284	0,9999979	6,86	6,86	3,97682E-13	1,77155E-08	18,30	22,32	18,59
1418018_at	1,22	1,22	0,3026415	0,9999446	1,14	1,14	0,7394179	0,9999979	11,18	11,18	5,02931E-14	2,24725E-09	17,32	23,41	14,18
1449120_a_at	1,18	0,85	0,3430468	0,9999446	1,14	0,88	0,3020699	0,9999979	1,69	1,69	9,51995E-07	0,03950591	7,50	6,59	8,81
1433685_a_at	1,07	1,07	0,2626398	0,9999446	1,14	0,88	0,1979418	0,9999979	1,90	1,90	1,36748E-07	0,005775256	846,08	743,29	793,00
1418925_at	1,06	0,94	0,7297411	0,9999446	1,14	0,87	0,4543116	0,9999979	2,22	2,22	4,77543E-08	0,002031849	245,64	217,32	261,27
1450656_at	1,14	0,88	0,9778486	0,9999446	1,14	0,87	0,174251	0,9999979	1,70	1,70	2,08253E-05	0,8292001	470,01	410,91	535,67
1451003_at	1,17	1,17	0,07238808	0,9999446	1,14	0,87	0,3681631	0,9999979	2,35	2,35	6,13647E-10	2,67606E-05	900,73	793,63	769,90
1445360_at	1,21	0,83	0,6414589	0,9999446	1,16	1,16	0,3841462	0,9999979	5,19	5,19	6,73328E-12	2,98082E-07	54,82	64,30	66,28
1448187_at	1,22	0,82	0,3024983	0,9999446	1,16	0,86	0,255805	0,9999979	1,53	1,53	0,000825869	0,9999933	160,56	138,49	196,46
1456345_at	1,08	0,92	0,5885022	0,9999446	1,16	1,16	0,8556784	0,9999979	5,57	5,57	8,01581E-14	3,57946E-09	7,38	8,79	7,98
1441529_at	1,19	1,19	0,8265365	0,9999446	1,17	1,17	0,2180835	0,9999979	5,10	5,10	8,89955E-13	3,9571E-08	21,49	27,79	18,12
1422546_at	1,02	1,02	0,7904341	0,9999446	1,17	1,17	0,4562722	0,9999979	4,69	4,69	9,26481E-13	4,11923E-08	31,66	39,56	31,14
1423430_at	1,19	0,84	0,6793908	0,9999446	1,17	0,85	0,302727	0,9999979	1,61	1,61	0,000773058	0,9999933	218,89	187,80	260,05
1440280_at	1,11	1,11	0,06252017	0,9999446	1,17	1,17	0,9972144	0,9999979	3,16	3,16	1,19864E-11	5,29716E-07	44,88	53,40	40,59
1433468_at	1,09	0,92	0,1374055	0,9999446	1,18	0,85	0,6196163	0,9999979	2,09	2,09	8,23628E-05	0,9999933	101,58	87,47	110,36
1457782_at	1,15	1,15	0,3896247	0,9999446	1,18	0,84	0,4201517	0,9999979	2,12	2,12	1,57574E-06	0,06500386	182,99	155,49	159,18
1452393_at	1,18	1,18	0,7922828	0,9999446	1,18	0,84	0,2054007	0,9999979	2,19	2,19	5,23007E-06	0,2127332	1341,88	1139,42	1139,76
1448075_at	1,21	0,83	0,1496041	0,9999446	1,19	1,19	0,2674567	0,9999979	3,29	3,29	6,48572E-11	2,85184E-06	10,84	13,29	13,11
1437554_at	1,20	1,20	0,1851599	0,9999446	1,19	1,19	0,5256477	0,9999979	6,57	6,57	4,44089E-16	1,99276E-11	17,24	24,44	14,33
1425276_at	1,06	1,06	0,8376673	0,9999446	1,19	0,84	0,2920057	0,9999979	2,55	2,55	2,2731E-06	0,09337912	86,30	72,98	81,21
1425565_at	1,12	1,12	0,2938981	0,9999446	1,19	1,19	0,6728979	0,9999979	7,84	7,84	9,4369E-15	4,22452E-10	107,29	142,83	95,55
1452097_a_at	1,04	0,96	0,4058212	0,9999446	1,19	0,84	0,332565	0,9999979	1,89	1,89	0,006681283	0,9999933	130,94	110,41	136,61
1451242_a_at	1,00	1,00	0,3909102	0,9999446	1,20	0,84	0,4949423	0,9999979	1,89	1,89	8,95044E-06	0,361338	470,77	396,38	469,83
1425156_at	1,25	1,25	0,03662548	0,9999446	1,20	1,20	0,3691371	0,9999979	3,97	3,97	6,21725E-15	2,78408E-10	1028,65	1295,50	822,60
1439988_at	1,08	1,08	0,4205152	0,9999446	1,20	0,83	0,2842563	0,9999979	2,44	2,44	1,42067E-08	0,000609593	68,46	57,12	63,47
1452098_at	1,09	0,91	0,4653074	0,9999446	1,21	0,83	0,3113287	0,9999979	2,34	2,34	8,40083E-08	0,003561783	28,28	23,58	30,93
1426897_at	1,16	0,86	0,5424916	0,9999446	1,21	0,83	0,2173305	0,9999979	1,64	1,64	1,8351E-05	0,7325881	510,70	423,19	591,32
1432216_s_at	1,11	1,11	0,638449	0,9999446	1,22	0,82	0,8586192	0,9999979	2,05	2,05	4,34216E-08	0,001848763	11,31	9,29	10,21
1433736_at	1,11	1,11	0,4093294	0,9999446	1,22	0,82	0,173432	0,9999979	1,90	1,90	6,5986E-07	0,02748448	1191,49	987,01	1076,17
1418129_at	1,01	1,01	0,9721471	0,9999446	1,22	0,82	0,1500431	0,9999979	6,52	6,52	2,37677E-12	1,05467E-07	57,29	48,31	56,74
1424666_at	1,08	1,08	0,05871777	0,9999446	1,22	0,82	0,1037075	0,9999979	1,90	1,90	6,25845E-07	0,02608334	294,01	240,83	273,44
1425717_at	1,16	1,16	0,3435605	0,9999446	1,23	0,82	0,5400855	0,9999979	5,19	5,19	2,14939E-13	9,58414E-09	16,16	14,20	13,98
1417930_at	1,24	0,80	0,1344931	0,9999446	1,23	0,81	0,1137335	0,9999979	1,61	1,61	0,000155307	0,9999933	448,17	363,73	556,84
1418481_at	1,02	0,98	0,8012153	0,9999446	1,23	0,81	0,2540559	0,9999979	1,97	1,97	3,02952E-07	0,01271005	217,05	175,84	220,56
1452830_s_at	1,22	1,22	0,1946847	0,9999446	1,24	0,81	0,1271845	0,9999979	2,27	2,27	5,00931E-07	0,02092539	276,15	223,03	226,35
1429694_at	1,16	1,16	0,284924	0,9999446	1,25	0,80	0,1879813	0,9999979	2,65	2,65	1,30044E-08	0,000558291	11,09	9,05	9,60
1441081_a_at	1,18	0,84	0,09220539	0,9999446	1,25	0,80	0,2564366	0,9999979	1,53	1,53	0,000115912	0,9999933	768,34	624,86	910,27
1424203_at	1,24	1,24	0,8684513	0,9999446	1,25	0,80	0,1750468	0,9999979	2,70	2,70	4,7633E-05	0,9999933	263,48	211,25	211,83
1423667_at	1,24	0,81	0,1606043	0,9999446	1,25	0,80	0,3561254	0,9999979	1,29	1,29	0,000530353	0,9999933	2218,36	1789,24	2749,04
1416801_at	1,06	1,06	0,4937935	0,9999446	1,25	1,25	0,8299449	0,9999979	7,31	7,31	4,09894E-13	1,82579E-08	9,91	13,05	9,36
1452416_at	1,08	0,93	0,6986554	0,9999446	1,26	1,26	0,7811138	0,9999979	3,66	3,66	2,48386E-10	1,08741E-05	297,18	393,21	321,04
1460692_at	1,11	0,90	0,805523	0,9999446	1,26	0,79	0,109804	0,9999979	1,90	1,90	5,43429E-06	0,2209201	861,33	683,04	953,91
AFFX-MURINE_b1_at	1,24	0,80	0,8769363	0,9999446	1,27	0,79	0,1512172	0,9999979	1,62	1,62	0,000271433	0,9999933	1547,88	1265,93	1924,25
1417656_at	1,09	0,92	0,1582034	0,9999446	1,27	1,27	0,125549	0,9999979	4,74	4,74	5,23086E-11	2,30184E-06	33,34	44,75	36,43
1439615_at	1,08	1,08	0,1351973	0,9999446	1,27	1,27	0,796297	0,9999979	6,86	6,86	7,77156E-15	3,47948E-10	19,32	24,87	17,90
1424874_a_at	1,24	0,81	0,1168171	0,9999446	1,28	0,78	0,09575405	0,9999979	1,46	1,46	0,006567974	0,9999933	1789,07	1401,85	2213,53
1448635_at	1,17	0,86	0,02012784	0,9999446	1,28	1,28	0,02522794	0,9999979	2,24	2,24	1,06811E-08	0,000459085	617,79	795,05	720,58
1455759_a_at	1,06	1,06	0,4465638	0,9999446	1,28	0,78	0,08153611	0,9999979	2,14	2,14	2,79123E-06	0,114404	137,67	109,40	129,79
1423974_at	1,07	1,07	0,3318833	0,9999446	1,28	0,78	0,05723558	0,9999979	1,75	1,75	5,03775E-05	0,9999933	536,16	421,13	501,94
1458862_at	1,22	1,22	0,1539251	0,9999446	1,28	1,28	0,1996446	0,9999979	8,40	8,40	1,57652E-14	7,05223E-10	22,42	30,61	18,41
1426366_at	1,19	1,19	0,03188099	0,9999446	1,29	0,78	0,04655328	0,9999979	4,13	4,13	1,80491E-11	7,96833E-07	279,06	236,67	234,78
1420934_a_at	1,22	1,22	0,02055118	0,9999446	1,30	0,77	0,03943267	0,9999979	2,14	2,14	4,8918E-07	0,02044138	121,03	94,07	99,32
1449258_at	1,24	0,80	0,1991673	0,9999446	1,30	0,77	0,06330723	0,9999979	1,28	1,28	0,005943903	0,9999933	499,78	385,87	622,18
1428106_at	1,04	1,04	0,3489801	0,9999446	1,31	0,76	0,04660511	0,9999979	1,61	1,61	5,01989E-05	0,9999933	249,43	189,93	240,85
1436306_at	1,03	1,03	0,5814266	0,9999446	1,32	0,76	0,08103901	0,9999979	2,29	2,29	0,002425598	0,9999933	403,04	308,82	389,51
1451182_s_at	1,12	0,89	0,2453279	0,9999446	1,32	0,76	0,06028718	0,9999979	1,58	1,58	0,000972135	0,9999933	458,70	348,71	512,67
1448569_at	1,12	0,90	0,2792115	0,9999446	1,33	0,75	0,0441847	0,9999979	1,49	1,49	0,000388364	0,9999933	1158,31	874,96	1292,93
1417548_at	1,24	1,24	0,163473	0,9999446	1,33	0,75	0,1712412	0,9999979	3,51	3,51	6,24404E-10	2,72272E-05	38,63	31,34	31,06
1417324_at	1,01	0,99	0,8035214	0,9999446	1,34	0,75	0,1102298	0,9999979	1,79	1,79	2,26714E-05	0,9014354	165,39	123,89	167,29
1455101_at	1,12	0,89	0,5302129	0,9999446	1,34	1,34	0,1081547	0,9999979	3,06	3,06	2,54557E-10	1,11427E-05	31,06	43,45	34,93
1453013_at	1,01	1,01	0,7691836	0,9999446	1,35	0,74	0,05439669	0,9999979	1,74	1,74	0,000662618	0,9999933	466,16	346,77	460,01
1456099_at	1,15	0,87	0,3121006	0,9999446	1,35	1,35	0,09643889	0,9999979	3,32	3,32	1,73997E-10	7,62715E-06	20,38	27,51	23,52
1423546_at	1,03	0,97	0,3056689	0,9999446	1,35	1,35	0,0790759	0,9999979	7,76	7,76	1,44329E-15	6,47171E-11	9,04	13,72	9,34
1452154_at	1,17	0,86	0,5831184	0,9999446	1,36	0,74	0,02502199	0,9999979	1,41	1,41	0,000319521	0,9999933	453,23	334,43	528,84
1434554_at	1,23	0,81	0,04322397	0,9999446	1,36	0,74	0,2743185	0,9999979	1,58	1,58	0,003099367	0,9999933	94,00	69,61	115,86
1440348_at	1,23	1,23	0,773499	0,9999446	1,36	1,36	0,01785805	0,9999979	1,74	0,58	0,00012041	0,9999933	30,86	42,66	25,10
1437967_at	1,01	0,99	0,5893729	0,9999446	1,36	0,73	0,2935766	0,9999979	1,60	1,60	2,00054E-05	0,7971139	9,80	7,20	9,85
1425686_at	1,19	0,84	0,9759389	0,9999446	1,37	1,37	0,3551454	0,9999979	3,08	3,08	2,6579E-10	1,16326E-05	126,30	180,12	150,84
1437474_at	1,04	1,04	0,2736315	0,9999446	1,37	0,73	0,03670676	0,9999979	1,71	1,71	7,37189E-06	0,2984361	634,44	466,77	607,99
1435631_x_at	1,13	1,13	0,3288383	0,9999446	1,37	1,37	0,06765316	0,9999979	1,55	0,65	0,001507805	0,9999933	384,52	528,78	339,91

Probeset ID	Median Signals: Treg immune	Tconv naive Signal: CD4+CD25-_2	CD4+CD25-_4	CD4+CD25-_3	Treg naive Signal: Treg_3+4	Treg_1+2	Tconv immune Signal: Max_J2Tc	Max_J1Tc	Max_C2Tc	Treg immune Signal: CDR3	Jimmu_2	Jimmu_1
1417655_a_at	2250,42	1482,15	986,39	1010,20	956,36	1076,31	1005,55	892,64	1047,43	1869,70	2250,42	2265,47
1455790_at	233,49	118,60	92,88	75,50	104,94	83,39	93,66	99,21	95,33	233,49	243,45	231,65
1438774_s_at	82,10	22,60	20,51	12,56	30,95	13,35	20,20	23,49	20,38	85,84	60,59	82,10
1458699_at	121,29	15,35	19,06	13,85	19,75	12,19	15,17	14,95	14,31	121,29	80,75	123,98
1437395_at	978,35	667,45	484,22	440,35	448,20	510,23	347,06	462,73	445,80	970,53	978,35	1035,08
1442615_at	27,73	10,94	8,70	6,69	10,01	7,78	10,61	6,55	9,02	29,46	27,73	24,29
1441295_at	98,20	35,17	27,27	21,38	30,46	23,52	27,45	29,44	29,36	98,20	80,20	101,78
1418746_at	119,73	45,46	49,26	37,55	55,31	39,17	24,35	53,94	44,49	110,82	125,38	119,73
1457020_at	689,81	204,62	118,31	67,59	210,82	62,62	118,75	65,98	107,42	623,67	689,81	708,57
1431047_at	37,94	13,23	11,22	8,72	14,69	9,15	11,71	13,74	12,57	48,92	35,48	37,94
1451092_a_at	634,01	277,17	311,93	211,31	289,27	248,67	276,92	297,06	518,20	631,23	634,01	680,41
1450093_s_at	287,76	51,91	35,44	23,90	78,30	14,93	29,33	22,57	39,52	212,39	287,76	298,37
1434183_at	372,87	133,97	142,46	147,45	141,73	131,60	132,79	171,31	268,34	334,41	372,87	401,54
1449660_s_at	628,67	258,47	307,33	366,35	288,81	299,46	330,34	378,66	442,60	599,95	628,67	665,63
1453654_at	56,71	19,91	11,84	5,97	19,62	7,85	12,00	7,79	12,86	56,17	56,71	65,77
1442061_at	90,89	39,87	31,07	18,18	34,17	25,59	25,36	28,34	34,34	90,89	94,03	89,89
1433570_s_at	489,87	219,01	215,61	165,35	248,19	167,97	244,96	256,73	241,31	528,83	484,16	489,87
1438677_at	487,82	280,18	167,53	142,26	221,18	113,34	126,76	143,95	142,88	487,82	457,18	547,99
1460108_at	81,83	28,53	12,77	10,39	14,69	9,88	16,27	12,52	13,40	81,83	74,91	102,79
1457351_at	38,38	9,10	10,41	7,09	10,83	8,64	8,86	7,76	8,51	41,16	22,94	38,38
1417177_at	511,55	225,34	186,90	177,13	200,04	153,75	199,20	269,94	231,57	531,74	460,06	511,55
1446914_at	43,64	9,63	9,61	6,58	16,32	6,49	8,49	8,30	7,92	33,34	43,64	43,96
1429606_at	21,09	9,61	7,79	7,80	9,95	7,02	7,57	8,05	8,56	20,82	22,39	21,09
1439324_at	146,56	57,29	47,70	43,08	54,58	36,32	43,36	41,58	54,47	171,24	116,59	146,56
1423021_s_at	2578,12	1282,97	1007,57	1177,05	1059,28	1137,11	1201,65	978,05	1616,98	2154,72	2918,68	2578,12
1430961_at	76,00	21,89	28,15	20,14	35,76	15,48	16,36	20,83	20,30	78,49	74,26	76,00
1421918_at	851,15	606,43	421,57	408,52	452,78	338,62	413,58	536,06	454,34	789,35	871,62	851,15
1454636_at	1025,66	505,00	420,19	460,57	496,22	498,84	380,98	484,25	519,71	1025,66	978,52	1071,44
1430775_at	54,21	14,31	12,19	12,35	16,29	10,93	11,13	11,34	16,59	54,90	52,06	54,21
1426756_at	506,17	166,29	189,99	87,93	207,11	113,76	167,12	203,42	270,58	506,17	484,22	526,03
AFFX-GapdhMur/M3	6879,06	2961,73	3344,54	3255,57	3812,58	2361,54	3568,47	5330,34	3828,87	6849,59	6879,06	6936,28
1442009_at	72,01	21,20	19,89	14,99	25,78	18,17	17,34	15,54	21,49	72,01	73,87	65,85
1457631_at	32,30	8,23	6,83	6,39	7,79	7,17	6,32	5,55	7,45	32,30	33,19	23,63
1438687_at	368,96	170,62	172,94	143,43	156,50	154,29	155,03	183,93	224,81	338,63	368,96	374,41
1457343_at	22,40	9,61	9,56	8,02	9,13	8,27	8,64	7,76	7,64	31,89	20,20	22,40
1419248_at	236,67	598,53	633,14	357,30	537,09	549,31	933,99	610,90	609,92	279,02	225,20	236,67
1444902_at	68,93	25,22	22,06	22,32	21,23	19,24	23,14	22,29	26,66	56,01	68,93	73,93
1458318_at	18,93	5,64	5,37	5,33	7,49	4,71	5,15	4,36	4,93	18,93	15,24	24,88
1434208_at	170,31	60,77	26,97	29,68	58,15	18,56	35,17	26,24	43,24	170,31	156,51	188,90
1451685_at	99,75	34,14	23,73	15,21	32,14	21,63	23,08	19,88	20,36	72,40	105,59	99,75
1417519_at	747,86	221,68	200,87	205,95	263,12	199,16	133,34	180,27	218,64	696,50	747,86	833,64
1457122_at	51,75	16,96	12,87	11,32	20,05	10,23	10,93	9,71	11,46	51,75	46,68	52,09
1447504_at	116,10	37,26	20,24	13,81	39,63	8,34	21,37	8,43	16,72	114,49	116,10	123,18
1424956_at	329,81	150,35	90,34	110,09	111,04	87,89	71,65	88,52	165,60	329,81	301,22	370,61
1452373_at	1317,24	676,03	576,66	544,60	468,17	571,41	418,79	635,32	1023,97	1119,78	1317,24	1635,24
1426539_at	216,75	88,91	73,35	82,18	64,00	84,33	73,96	85,40	114,61	184,00	241,35	216,75
1437473_at	461,92	155,63	97,02	106,82	162,45	55,69	57,21	111,22	106,55	461,92	444,60	473,34
1419415_a_at	824,94	253,03	303,36	321,45	335,33	348,82	327,45	371,38	575,19	724,83	824,94	946,86
1448370_at	366,67	200,29	192,69	220,02	167,53	188,03	152,38	191,59	262,31	310,49	384,71	366,67
1444600_at	127,57	34,84	17,83	18,30	30,54	14,09	25,20	12,64	18,59	110,11	127,57	137,71
1418018_at	158,52	16,96	17,32	21,08	36,06	10,76	14,18	13,36	20,98	185,68	110,58	158,52
1449120_a_at	14,88	8,67	7,50	6,60	6,89	6,29	8,81	8,95	7,40	16,34	14,52	14,88
1433685_a_at	1506,07	1098,12	787,95	846,08	700,35	786,23	742,10	809,30	793,00	1463,93	1591,92	1506,07
1418925_at	580,97	277,65	212,05	245,64	184,78	249,86	175,74	261,27	268,78	554,91	580,97	581,19
1450656_at	912,20	655,42	470,01	450,24	398,19	423,64	406,80	535,67	628,61	922,34	843,38	912,20
1451003_at	1808,00	1165,05	900,73	707,67	895,37	691,90	567,48	769,90	785,44	1759,73	1808,00	1886,11
1445360_at	343,87	54,82	60,92	45,53	74,85	53,74	71,94	40,94	66,28	281,91	343,87	367,37
1448187_at	299,88	190,05	151,02	160,56	136,98	140,00	159,87	196,46	235,85	282,22	299,88	321,83
1456345_at	44,44	12,95	7,30	7,38	10,66	6,92	7,14	9,83	7,98	44,53	33,58	44,44
1441529_at	92,40	21,49	21,81	15,12	39,81	15,78	18,12	17,34	24,86	92,40	114,60	82,60
1422546_at	146,13	31,66	41,66	23,51	53,75	25,38	36,86	23,63	31,14	163,09	145,81	146,13
1423430_at	419,89	236,54	213,47	218,89	169,87	205,72	152,71	260,05	348,04	386,22	419,89	477,11
1440280_at	128,23	72,70	44,88	44,83	62,29	44,51	41,76	33,62	40,59	139,83	128,23	126,55
1433468_at	231,16	120,38	101,58	69,60	103,73	71,21	91,00	110,36	200,06	229,37	231,16	294,90
1457782_at	336,84	199,46	182,99	153,87	172,17	138,82	194,94	118,40	159,18	336,84	322,65	362,28
1452393_at	2493,95	1341,88	1324,91	1377,49	1023,82	1255,03	1139,76	1068,67	1812,38	2214,36	2493,95	2699,65
1448075_at	43,19	10,84	13,90	7,57	16,69	9,90	12,17	13,13	13,11	33,97	43,19	43,95
1437554_at	94,15	24,52	12,77	17,24	37,79	11,09	13,54	15,16	14,33	94,15	85,43	108,20
1425276_at	207,28	93,74	86,30	84,10	80,58	65,37	66,85	81,21	138,88	186,47	207,28	280,68
1425565_at	748,62	139,63	107,29	107,06	206,56	79,10	83,93	95,55	123,25	803,20	633,59	748,62
1452097_a_at	257,79	130,94	152,06	113,03	98,76	122,06	104,22	136,61	260,55	222,71	257,79	274,23
1451242_a_at	886,87	477,95	470,77	376,03	445,60	347,17	410,54	469,83	648,96	884,10	886,87	1044,28
1425156_at	3262,67	1131,54	1028,65	1027,64	1696,21	894,79	776,00	822,60	865,37	3566,96	3262,67	3226,28
1439988_at	154,87	92,87	68,46	56,62	58,38	55,86	67,18	57,04	63,47	154,87	145,31	159,52
1452098_at	72,46	28,28	30,76	24,96	26,48	20,69	25,21	30,93	37,79	65,13	72,46	91,87
1426897_at	967,94	551,99	510,70	451,19	394,97	451,41	437,89	591,32	627,00	862,18	967,94	1074,73
1432216_s_at	20,93	11,84	11,31	6,53	8,91	9,66	10,21	9,79	10,60	20,93	19,59	21,92
1433736_at	2041,14	1362,36	1076,85	1191,49	847,10	1126,92	949,35	1230,61	1076,17	1860,03	2041,14	2074,38
1418129_at	369,64	95,94	57,29	49,54	60,00	36,62	54,02	56,74	90,63	360,86	369,64	436,04
1424666_at	520,65	459,21	294,01	258,90	227,30	254,35	164,03	273,44	276,74	512,50	520,65	628,43
1425717_at	72,53	20,31	16,16	10,40	19,48	8,91	14,39	10,80	13,98	57,96	72,53	82,93
1417930_at	894,34	500,73	430,92	448,17	365,95	361,51	456,35	556,84	722,33	894,34	889,14	977,20
1418481_at	434,20	217,05	204,70	218,56	174,31	177,37	224,10	218,91	220,56	434,20	457,31	409,54
1452830_s_at	513,58	334,66	276,15	267,17	238,79	207,27	215,62	226,35	277,82	531,11	477,20	513,58
1429694_at	25,43	11,09	11,44	10,04	10,71	7,40	8,44	9,60	10,65	25,43	26,94	19,50
1441081_a_at	1390,74	768,34	899,43	600,13	733,76	515,96	1128,43	910,27	840,49	1810,53	1318,48	1390,74
1424203_at	571,89	285,50	244,27	263,48	200,54	221,95	202,21	211,83	393,69	442,29	584,02	571,89
1423667_at	3547,46	2511,66	2218,36	1546,43	2031,19	1547,29	2804,36	2003,49	2749,04	3815,91	3547,46	3362,15
1416801_at	68,43	22,87	9,91	7,13	17,11	8,99	9,36	8,44	13,53	77,56	50,10	68,43
1452416_at	1176,36	868,94	297,18	257,82	510,23	276,19	321,04	315,91	507,05	1176,36	1348,55	1148,03
1460692_at	1808,20	861,33	769,14	1015,30	630,48	735,60	664,83	953,91	1180,19	1477,40	1808,20	1848,82
AFFX-MURINE_b1_at	3125,11	1547,88	1561,06	1506,23	1601,55	930,31	1924,25	719,62	2402,24	3394,02	2958,16	3125,11
1417656_at	172,54	25,45	35,64	33,34	59,33	30,17	31,35	52,69	36,43	179,83	142,81	172,54
1439615_at	122,82	34,50	19,32	19,15	28,48	21,27	17,90	14,79	22,70	122,82	137,46	122,31
1424874_a_at	3226,47	1718,07	1804,28	1789,07	1452,60	1351,10	1534,91	2213,53	3301,23	2969,98	3226,47	3367,28
1448635_at	1611,07	617,79	621,48	368,82	874,86	715,24	720,58	841,47	696,09	1657,88	1435,73	1611,07
1455759_a_at	278,18	186,88	137,67	128,70	89,12	129,67	112,61	156,66	129,79	252,74	278,18	290,52
1423974_at	880,90	686,43	496,78	536,16	374,12	468,14	393,05	501,94	604,52	775,23	880,90	883,97
1458862_at	154,63	26,51	22,42	19,87	41,04	20,19	18,41	22,19	15,87	203,33	121,70	154,63
1426366_at	970,63	508,13	279,06	272,62	332,45	140,90	184,45	234,78	280,96	1049,59	866,46	970,63
1420934_a_at	212,39	249,92	121,03	108,86	104,90	83,23	77,58	99,32	109,14	212,39	193,89	225,70
1449258_at	793,61	605,83	499,78	475,80	430,68	341,06	568,66	696,09	622,18	894,76	784,38	793,61
1428106_at	388,32	330,30	243,22	249,43	180,78	199,08	199,44	240,85	271,55	386,33	388,32	419,02
1436306_at	892,70	403,04	398,98	428,00	270,85	346,78	265,61	389,51	944,40	705,27	892,70	1097,88
1451182_s_at	809,89	518,32	458,70	443,68	373,64	323,77	487,78	512,67	689,01	759,18	809,89	878,00
1448569_at	1927,28	1241,46	1158,31	1097,60	834,86	915,05	1209,62	1292,93	1486,94	1717,20	1927,28	2021,60
1417548_at	108,96	40,77	34,85	38,63	43,20	19,49	31,06	26,45	36,31	121,78	81,15	108,96
1417324_at	299,57	191,14	165,39	150,26	127,67	120,11	140,73	167,29	178,63	261,02	299,57	355,00
1455101_at	106,79	33,01	29,93	31,06	55,59	31,32	30,27	37,87	34,93	102,77	122,23	106,79
1453013_at	800,05	477,23	439,03	466,16	362,75	330,80	373,74	460,01	643,90	650,08	809,69	800,05
1456099_at	77,98	20,38	23,31	18,82	29,31	25,72	26,07	22,19	23,52	78,76	77,98	76,69
1423546_at	72,44	9,26	8,20	9,04	20,02	7,42	12,40	9,34	8,51	72,44	78,24	63,34
1452154_at	747,07	587,02	452,85	453,23	317,43	351,43	488,36	582,47	528,84	747,07	742,90	815,14
1434554_at	182,71	115,71	94,00	61,50	62,20	77,02	111,94	153,52	115,86	182,71	170,90	182,94
1440348_at	14,44	30,86	31,70	16,31	50,03	35,28	28,63	19,14	25,10	14,77	14,44	12,79
1437967_at	15,73	13,54	9,80	5,29	7,41	6,99	9,85	10,08	9,13	15,92	15,73	15,20
1425686_at	464,12	215,83	101,26	126,30	230,47	129,78	110,29	150,84	163,19	525,60	464,12	430,42
1437474_at	1039,83	690,06	634,44	611,97	404,32	529,22	409,64	607,99	670,42	977,51	1039,83	1058,44
1435631_x_at	219,38	384,52	450,40	316,82	565,31	492,26	361,42	339,91	282,96	219,21	219,38	233,91

1446295_at	tripartite motif-containing 24	Trim24	5,27	5,27	9,29806E-09	0,000412908	1,16	1,16	0,02017382	0,9999446	1,39	1,39	0,5867702	0,9999979	8,47	8,47	4,44089E-16	1,99276E-11	15,67	26,11	13,52	114,53	28,83	15,67	15,03	40,57	11,64	13,52	9,40	15,20	114,53	112,50	134,19
1451722_s_at	SET and MYND domain containing 5	Smyd5	2,40	2,40	3,96106E-08	0,001746946	1,05	0,96	0,8280895	0,9999446	1,39	0,72	0,07719663	0,9999979	1,64	1,64	4,12615E-05	0,9999933	226,14	162,13	236,55	388,44	259,06	192,49	226,14	160,63	163,62	219,10	239,74	236,55	361,22	398,10	388,44
1446439_at			2,72	2,72	2,05226E-08	0,000908209	1,19	1,19	0,3486847	0,9999446	1,40	0,72	0,03545536	0,9999979	2,31	2,31	3,08534E-07	0,01294175	25,38	18,23	21,38	49,42	32,24	25,38	23,85	17,05	19,41	21,38	19,99	29,86	60,36	48,09	49,42
1424116_x_at	protein phosphatase 5, catalytic subunit	Ppp5c	2,60	2,60	2,18748E-09	9,76077E-05	1,07	1,07	0,2981664	0,9999446	1,40	0,71	0,02322488	0,9999979	1,98	1,98	5,07116E-06	0,2063862	285,66	206,36	268,14	530,82	285,66	340,79	279,19	236,45	176,27	187,98	268,14	328,41	500,79	530,82	538,43
1429729_at	RIKEN cDNA 1500004A13 gene	1500004A13Rik	3,46	3,46	1,90198E-08	0,000842025	1,04	1,04	0,7377614	0,9999446	1,40	1,40	0,02300598	0,9999979	5,02	5,02	1,16129E-13	5,18297E-09	8,14	11,86	7,85	39,39	8,14	7,21	8,55	15,13	8,59	9,41	7,54	7,85	31,02	42,78	39,39
1424115_at	protein phosphatase 5, catalytic subunit	Ppp5c	2,66	2,66	1,04909E-08	0,000465596	1,10	1,10	0,5422492	0,9999446	1,40	0,71	0,05066188	0,9999979	2,09	2,09	1,09286E-05	0,4397125	276,31	198,19	250,46	524,00	276,31	289,63	266,59	219,23	177,15	189,21	250,46	332,28	484,55	524,00	589,39
1428150_at	coronin 7	Coro7	2,76	2,76	4,07414E-08	0,00179649	1,08	0,93	0,5777805	0,9999446	1,41	0,71	0,03232035	0,9999979	1,81	1,81	0,02656002	0,9999933	152,80	109,81	165,08	299,09	152,80	156,51	148,60	126,34	93,27	91,11	165,08	338,17	228,87	303,54	299,09
1455990_at	kinesin family member 23	Kif23	2,56	2,56	1,08035E-09	4,82959E-05	1,07	1,07	0,7346503	0,9999446	1,41	0,71	0,0471836	0,9999979	1,94	1,94	3,37591E-05	0,9999933	205,88	146,11	192,17	373,56	235,20	205,88	172,39	153,43	138,79	185,78	272,13	192,17	373,56	354,03	407,51
1427036_a_at	eukaryotic translation initiation factor 4, gamma 1	Eif4g1	2,00	2,00	3,94203E-08	0,001738671	1,02	0,98	0,7694913	0,9999446	1,41	0,71	0,01504322	0,9999979	1,39	1,39	0,000287776	0,9999933	1347,38	954,71	1373,85	1913,86	1347,38	1215,46	1495,44	943,62	965,80	1108,90	1373,85	1449,49	1923,96	1913,86	1802,16
1422946_a_at	DNA methyltransferase (cytosine-5) 1	Dnmt1	2,06	2,06	2,07164E-08	0,000916742	1,19	1,19	0,1620399	0,9999446	1,41	0,71	0,0164646	0,9999979	1,73	1,73	2,24545E-06	0,09225411	1513,10	1071,16	1273,25	2205,30	1900,52	1329,05	1513,10	1086,66	1055,65	1250,96	1406,98	1273,25	2279,65	2061,40	2205,30
1437491_at	bicaudal D homolog 2 (Drosophila)	Bicd2	3,88	3,88	1,85624E-10	8,32469E-06	1,16	1,16	0,02254847	0,9999446	1,41	0,71	0,01534878	0,9999979	3,19	3,19	2,80563E-11	1,23737E-06	31,33	22,27	26,94	86,02	63,56	29,26	31,33	24,29	20,24	22,25	28,30	26,94	88,89	78,12	86,02
1416206_at	signal-induced proliferation associated gene 1	Sipa1	2,60	2,60	1,76476E-08	0,00078161	1,13	1,13	0,8910832	0,9999446	1,41	0,71	0,0620195	0,9999979	2,07	2,07	1,24653E-05	0,500555	622,45	440,35	552,19	1144,77	668,43	518,59	622,45	429,86	450,83	452,96	552,19	812,00	976,80	1144,77	1248,91
1449512_a_at	zinc finger protein X-linked	Zfx	5,28	5,28	1,92103E-10	8,61426E-06	1,13	0,88	0,06879441	0,9999446	1,42	1,42	0,02387495	0,9999979	6,62	6,62	1,11022E-15	4,97857E-11	5,93	8,99	6,71	44,43	6,85	5,93	4,34	12,13	5,85	6,71	6,70	7,46	48,48	36,97	44,43
1421164_a_at	Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 1	Arhgef1	2,71	2,71	3,35385E-08	0,001480656	1,24	1,24	0,6209747	0,9999446	1,42	0,70	0,008003375	0,9999979	2,36	2,36	0,000190211	0,9999933	3504,03	2501,10	2834,86	6685,76	3504,03	3451,80	4019,23	2063,53	2938,68	2444,20	2834,86	5606,19	4959,53	6685,76	7324,37
1448124_at	glucuronidase, beta	Gusb	2,19	2,19	1,36027E-08	0,00060317	1,24	0,81	0,09707922	0,9999446	1,43	0,70	0,04688664	0,9999979	1,24	1,24	0,006815678	0,9999933	319,43	224,00	394,68	490,18	338,04	319,43	269,44	230,95	217,06	396,28	394,68	367,57	485,66	490,18	556,49
1460290_at	lipin 2	Lpin2	2,83	2,83	3,10193E-09	0,00013829	1,12	0,89	0,4546365	0,9999446	1,43	0,70	0,08628546	0,9999979	1,77	1,77	1,31729E-06	0,054462	22,29	15,67	24,91	44,14	22,29	24,52	17,14	17,00	14,35	20,54	25,27	24,91	44,14	43,66	50,96
1423449_a_at	actinin alpha 4	Actn4	2,21	2,21	8,03271E-09	0,000356934	1,02	0,98	0,5352789	0,9999446	1,44	0,70	0,01717953	0,9999979	1,51	1,51	0,000431761	0,9999933	1808,80	1265,49	1842,57	2782,13	1976,53	1808,80	1625,62	1377,96	1153,02	1698,71	1842,57	2325,93	2812,05	2782,13	2674,57
1452115_a_at	polo-like kinase 4 (Drosophila)	Plk4	5,99	5,99	1,88073E-08	0,000832636	1,01	0,99	0,9795912	0,9999446	1,44	1,44	0,1163228	0,9999979	8,55	8,55	2,44249E-15	1,09472E-10	14,54	25,88	14,64	125,20	15,57	14,19	14,54	41,14	10,62	18,37	14,64	12,05	145,36	103,50	125,20
1422489_at	glucosidase 1	Mogs	2,31	2,31	5,5918E-10	2,50244E-05	1,09	0,92	0,6428151	0,9999446	1,46	0,69	0,01803573	0,9999979	1,45	1,45	0,000132627	0,9999933	958,97	663,34	1046,13	1521,81	1047,25	826,50	958,97	738,63	588,04	795,07	1046,13	1198,23	1624,36	1521,81	1520,01
1435334_at	tetratricopeptide repeat domain 7	Ttc7	2,49	2,49	5,50906E-09	0,000245148	1,07	0,94	0,7283082	0,9999446	1,46	0,68	0,02717827	0,9999979	1,59	1,59	0,00137179	0,9999933	315,93	216,07	337,67	537,78	326,84	315,93	286,78	219,94	212,19	231,50	337,67	447,48	474,11	537,78	562,23
1438014_at			2,50	0,40	1,94467E-07	0,008501522	1,01	0,99	0,169744	0,9999446	1,46	1,46	0,01372775	0,9999979	1,73	0,58	0,001563514	0,9999933	68,43	100,39	69,23	40,06	68,43	77,78	46,16	108,31	92,47	184,12	51,08	69,23	46,94	37,32	40,06
1459666_at	trafficking protein, kinesin binding 1	Trak1	2,15	2,15	1,66456E-07	0,007282467	1,16	0,86	0,7767361	0,9999446	1,46	0,68	0,01693289	0,9999979	1,26	1,26	0,04162186	0,9999933	201,44	137,67	234,11	295,43	265,71	188,44	201,44	133,51	141,84	205,99	239,36	234,11	302,62	262,05	295,43
1460215_at	RNA polymerase 1-4	Polr1a	3,82	3,82	5,83238E-08	0,002567473	1,18	1,18	0,8241326	0,9999446	1,47	0,68	0,2333174	0,9999979	3,08	3,08	6,94593E-10	3,02731E-05	46,50	34,74	39,32	120,93	55,38	46,50	29,19	49,02	20,45	34,37	39,32	49,70	135,66	111,34	120,93
1418200_at	zinc finger and BTB domain containing 48	Zbtb48	2,12	2,12	1,82291E-07	0,007971602	1,02	0,98	0,4492529	0,9999446	1,48	0,68	0,01344614	0,9999979	1,40	1,40	0,000747043	0,9999933	138,88	93,76	141,51	198,38	154,00	137,83	138,88	93,00	94,51	141,51	104,73	142,42	189,81	198,38	198,69
1448668_a_at	interleukin-1 receptor-associated kinase 1	Irak1	2,56	2,56	5,00187E-09	0,000222663	1,11	1,11	0,1132861	0,9999446	1,48	0,67	0,008548941	0,9999979	1,93	1,93	3,31223E-06	0,1354469	641,20	435,10	575,38	1107,75	872,73	641,20	612,46	486,74	383,47	415,35	575,38	673,26	998,64	1140,16	1107,75
1422945_a_at	kinesin family member 5C	Kif5c	4,14	4,14	7,17281E-08	0,003154891	1,01	0,99	0,9558527	0,9999446	1,49	1,49	0,2103181	0,9999979	6,11	6,11	1,62614E-12	7,22252E-08	14,21	22,58	14,33	87,64	27,46	14,21	9,17	30,48	14,67	14,33	13,51	19,05	87,64	57,29	88,59
1438051_at	tetratricopeptide repeat domain 14	Ttc14	4,01	4,01	1,37413E-07	0,006019928	1,23	1,23	0,0975893	0,9999446	1,49	1,49	0,1385064	0,9999979	7,34	7,34	2,88658E-15	1,29359E-10	22,48	38,20	18,33	134,60	33,34	22,48	17,22	56,39	20,02	21,14	18,33	14,92	163,21	134,60	118,70
1448404_at	secretory carrier membrane protein 2	Scamp2	3,05	3,05	6,09377E-09	0,000271039	1,12	0,89	0,975732	0,9999446	1,50	0,67	0,02579857	0,9999979	1,82	1,82	5,22859E-06	0,2126783	325,16	226,91	364,56	662,65	470,77	325,16	281,43	291,89	161,93	277,47	364,56	432,35	720,02	662,65	623,23
1429475_at	ubiquitin associated and SH3 domain containing, B : s	LOC677224 : Ubash3b	2,95	2,95	2,11116E-08	0,000934188	1,23	1,23	0,1136564	0,9999446	1,50	0,67	0,05528112	0,9999979	2,41	2,41	1,39977E-07	0,005910403	144,97	99,04	117,90	284,59	147,22	144,97	130,98	121,62	76,47	76,10	117,90	134,74	262,90	284,59	328,79
1455385_at	exocyst complex component 6	Exoc6	2,36	0,42	2,24615E-08	0,000993429	1,01	0,99	0,6884365	0,9999446	1,51	1,51	0,05509538	0,9999979	1,58	0,63	0,000104851	0,9999933	384,03	578,53	387,20	244,57	384,03	521,04	315,27	594,64	562,42	419,37	387,20	322,69	224,82	244,57	245,26
1439410_x_at	solute carrier family 25, member 39	Slc25a39	2,03	2,03	3,33296E-09	0,000148553	1,23	0,81	0,1065597	0,9999446	1,51	0,66	0,005509949	0,9999979	1,09	1,09	0,1071842	0,9999933	3478,47	2320,78	4282,21	4673,86	4033,22	3478,47	2968,75	2602,05	2039,51	3663,61	4653,41	4282,21	4875,68	4673,86	4601,77
1425750_a_at	Janus kinase 3	Jak3	4,76	4,76	6,30396E-12	2,83602E-07	1,25	0,80	0,0770256	0,9999446	1,52	0,66	0,01917705	0,9999979	2,52	2,52	9,37957E-05	0,9999933	402,84	265,85	502,38	1264,65	460,52	402,84	352,44	257,83	273,88	387,39	502,38	921,87	930,12	1386,03	1264,65
1456022_at	homeodomain interacting protein kinase 2	Hipk2	2,59	2,59	2,98548E-10	1,33777E-05	1,06	1,06	0,6697989	0,9999446	1,52	1,52	0,03635244	0,9999979	4,17	4,17	4,09617E-12	1,8155E-07	259,30	393,74	245,02	1020,89	344,85	259,30	219,54	408,89	378,58	244,87	245,02	268,39	1036,02	978,92	1020,89
1431213_a_at	hypothetical gene LOC433762	LOC433762	2,92	2,92	8,23733E-09	0,00036596	1,00	1,00	0,5278273	0,9999446	1,52	0,66	0,07273075	0,9999979	1,92	1,92	1,12144E-05	0,4510413	28,04	18,49	27,98	53,84	31,48	19,67	28,04	17,36	19,62	27,98	22,40	37,70	69,66	52,52	53,84
1454904_at	X-linked myotubular myopathy gene 1	Mtm1	2,14	2,14	2,01938E-07	0,008826518	1,18	1,18	0,2485812	0,9999446	1,52	1,52	0,03269634	0,9999979	3,83	3,83	1,53606E-11	6,7834E-07	146,63	226,48	124,65	477,09	146,63	170,28	135,44	266,60	186,36	102,36	154,42	124,65	480,75	477,09	453,48
1425794_at	polymerase (DNA directed), alpha 2	Pola2	4,66	4,66	1,38273E-09	6,17833E-05	1,22	1,22	0,1708088	0,9999446	1,52	0,66	0,1015838	0,9999979	3,72	3,72	9,94749E-12	4,39888E-07	26,47	18,84	21,77	80,97	26,47	30,42	18,15	26,15	11,53	21,77	15,41	23,13	80,97	70,93	85,07
1452401_at	Wilms' tumour 1-associating protein	Wtap	2,12	0,47	6,74615E-09	0,000299961	1,23	1,23	0,05965426	0,9999446	1,53	1,53	0,009940099	0,9999979	1,13	0,89	0,1308344	0,9999933	2989,53	4600,02	2426,94	2150,25	2989,53	3790,65	2710,54	5158,64	4041,40	2914,51	2127,49	2426,94	2285,70	2150,25	2028,58
1420172_at			4,05	0,25	7,33343E-08	0,003224876	1,23	1,23	0,04566922	0,9999446	1,53	1,53	0,04206574	0,9999979	2,15	0,46	0,000113076	0,9999933	4649,48	7223,63	3788,20	1760,66	4649,48	6885,08	4530,86	8424,70	6022,55	5485,75	2981,96	3788,20	3239,80	1760,66	1430,43
1449956_at	protein kinase C, epsilon	Prkce	2,61	2,61	3,36228E-08	0,001484346	1,09	0,92	0,3512066	0,9999446	1,54	0,65	0,01351313	0,9999979	1,55	1,55	0,0690963	0,9999933	24,99	16,42	27,28	42,34	27,54	23,74	24,99	18,97	13,87	18,95	27,28	54,63	44,06	39,32	42,34
1437115_at	expressed sequence AA673488	Phrf1	2,38	2,38	8,78993E-09	0,000390431	1,22	1,22	0,3619393	0,9999446	1,54	0,65	0,03154705	0,9999979	1,89	1,89	4,79366E-06	0,1952218	378,28	245,47	309,13	583,43	378,28	301,81	393,55	228,32	262,61	271,53	309,13	356,67	564,72	585,61	583,43
1419869_s_at	high density lipoprotein (HDL) binding protein	Hdlbp	2,18	2,18	5,20539E-08	0,00229292	1,03	0,97	0,3216383	0,9999446	1,55	0,65	0,008396316	0,9999979	1,37	1,37	0,000678967	0,9999933	338,41	219,01	347,42	476,70	429,90	305,82	338,41	221,34	216,68	219,71	347,42	363,73	463,52	476,70	482,99
1460188_at	protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 6	Ptpn6	2,28	2,28	3,22981E-08	0,001426252	1,16	0,86	0,1950277	0,9999446	1,55	0,65	0,004999701	0,9999979	1,27	1,27	0,0514065	0,9999933	1285,54	830,34	1496,57	1895,68	1381,24	1164,96	1285,54	818,81	841,87	1279,06	1496,57	1727,73	1523,69	1895,68	1944,38
1439247_at	dedicator of cytokinesis 10	Dock10	7,29	7,29	5,01796E-11	2,25357E-06	1,06	1,06	0,4543442	0,9999446	1,55	1,55	0,03207302	0,9999979	11,97	11,97	1E-35	1E-35	12,96	22,49	12,24	146,50	17,36	12,96	7,06	32,57	12,41	11,83	15,97	12,24	146,50	136,56	163,32
1460366_at	echinoderm microtubule associated protein like 3	Eml3	2,59	2,59	5,29473E-09	0,000235663	1,09	1,09	0,5073796	0,9999446	1,55	0,64	0,008643228	0,9999979	1,81	1,81	7,25684E-06	0,2938439	632,77	407,38	582,76	1056,29	785,64	539,35	632,77	393,72	421,04	522,09	582,76	670,87	927,62	1056,29	1062,52
1416637_at	solute carrier family 4 (anion exchanger), member 2	Slc4a2	3,14	3,14	7,99321E-10	3,57528E-05	1,12	1,12	0,6446291	0,9999446	1,57	0,64	0,01148886	0,9999979	2,25	2,25	6,85191E-06	0,2776326	355,89	227,32	317,21	714,30	355,89	335,25	419,88	222,05	232,59	271,85	317,21	464,74	600,62	714,30	714,49
1434268_at	adenosine deaminase, RNA-specific	Adar	2,11	2,11	1,3443E-07	0,005890324	1,10	0,91	0,4888124	0,9999446	1,57	0,64	0,004291989	0,9999979	1,23	1,23	0,02720387	0,9999933	898,30	574,43	984,32	1207,42	1015,32	898,30	797,03	622,33	526,53	984,32	937,09	1003,61	1071,87	1258,59	1207,42
1460288_a_at	protein phosphatase 4, catalytic subunit	Ppp4c	2,00	2,00	6,5612E-08	0,002886861	1,25	0,80	0,1156151	0,9999446	1,57	0,64	0,003678069	0,9999979	1,02	1,02	0,9278444	0,9999933	1956,88	1250,02	2445,50	2496,79	2475,59	1956,88	1688,26	1342,28	1157,76	2342,69	2607,31	2445,51	2316,59	2639,86	2496,79
1421820_a_at	neurofibromatosis 2	Nf2	2,13	2,13	5,32062E-08	0,002343412	1,10	1,10	0,4788718	0,9999446	1,57	0,64	0,01794553	0,9999979	1,48	1,48	9,92903E-05	0,9999933	483,62	307,80	440,82	653,55	539,97	385,54	483,62	294,45	321,14	372,73	456,39	440,82	609,31	653,55	659,08
1422453_at	pre-mRNA processing factor 8	Prpf8	2,17	2,17	1,31817E-08	0,000584544	1,00	1,00	0,4694836	0,9999446	1,58	0,63	0,001794479	0,9999979	1,38	1,38	0,000499161	0,9999933	1779,50	1126,29	1777,29	2445,95	2226,44	1779,50	1747,75	1090,21	1162,38	1412,15	1777,29	2089,72	2406,07	2557,14	2445,95
1434707_at	SET binding factor 1	Sbf1	3,33	3,33	1,54257E-09	6,89064E-05	1,23	1,23	0,1802857	0,9999446	1,58	0,63	0,005943103	0,9999979	2,60	2,60	2,27763E-07	0,009576506	355,00	226,77	288,33	748,70	434,45	352,56	355,00	195,21	258,32	273,54	288,33	370,33	562,07	748,70	815,19
1453014_a_at	SEC31 homolog A (S. cerevisiae)	Sec31a	2,19	2,19	5,29871E-08	0,002333815	1,16	0,86	0,4085892	0,9999446	1,59	0,63	0,02764138	0,9999979	1,19	1,19	0,01363402	0,9999933	482,15	303,33	559,80	664,26	482,15	367,78	500,73	287,90	318,75	376,43	559,80	620,60	624,36	664,26	802,98
1423264_at	block of proliferation 1	Bop1	2,71	2,71	9,88753E-10	4,42081E-05	1,20	0,84	0,1772	0,9999446	1,59	0,63	0,008249085	0,9999979	1,42	1,42	0,000996175	0,9999933	536,35	336,77	641,80	913,12	568,05	536,35	484,37	347,88	325,66	521,05	641,80	771,05	885,42	913,12	937,16
1437210_a_at	bromodomain containing 2	Brd2	2,79	2,79	3,43298E-09	0,000153001	1,06	1,06	0,2794189	0,9999446	1,60	0,63	0,007611516	0,9999979	1,84	1,84	3,21035E-05	0,9999933	754,43	479,29	714,26	1317,46	1636,62	754,43	588,45	561,71	396,88	574,58	714,26	964,25	1416,90	1096,10	1317,46
1422972_s_at	GCN5 general control of amino acid synthesis-like 2 (y	Kat2a	3,91	3,91	1,50236E-10	6,73974E-06	1,19	0,84	0,5149705	0,9999446	1,60	0,63	0,01058663	0,9999979	2,05	2,05	3,52089E-05	0,9999933	146,67	93,03	174,81	358,71	152,99	146,67	133,33	77,85	108,21	103,64	174,81	232,96	311,05	358,71	390,39
1418154_at	NEDD4 binding protein 1	N4bp1	2,34	2,34	3,3838E-08	0,001493743	1,22	1,22	0,1421535	0,9999446	1,60	0,63	0,007291329	0,9999979	1,78	1,78	3,85188E-06	0,1572529	328,25	205,20	268,86	479,29	392,14	328,25	279,65	204,67	205,72	241,68	296,82	268,86	456,37	479,29	528,01
1421292_a_at	cofactor of BRCA1	Cobra1	2,19	2,19	1,49151E-08	0,000661111	1,21	0,83	0,357225	0,9999446	1,61	0,62	0,004586215	0,9999979	1,12	1,12	0,07566673	0,9999933	663,32	414,86	803,68	904,10	753,65	612,09	663,32	454,88	374,84	664,31	803,68	833,19	889,05	910,52	904,10
1426943_at	integrator complex subunit 1	Ints1	2,61	2,61	1,78547E-08	0,000790732	1,01	0,99	0,857891	0,9999446	1,61	0,62	0,005581095	0,9999979	1,60	1,60	0,000209074	0,9999933	277,99	172,96	281,93	451,02	360,12	277,99	253,52	163,66	182,26	266,93	281,93	312,08	402,57	468,30	451,02
1417658_at	transforming growth factor beta regulated gene 4 : sim	LOC100046166 : Tbrg4	3,33	3,33	2,05186E-09	9,15703E-05	1,04	1,04	0,4509523	0,9999446	1,63	0,62	0,007127144	0,9999979	2,14	2,14	0,000149694	0,9999933	34,35	21,27	32,96	70,39	34,35	34,84	33,63	18,86	23,68	32,32	32,96	53,66	58,63	70,39	77,75
1455068_at	pleckstrin and Sec7 domain containing 4	Psd4	2,17	2,17	1,79425E-07	0,007846623	1,22	0,82	0,1863489	0,9999446	1,63	0,61	0,008859203	0,9999979	1,09	1,09	0,2564834	0,9999933	311,50	191,12	379,02	414,10	312,14	311,50	269,39	199,74	182,50	297,86	379,02	408,16	363,95	414,10	439,84
1421810_at	DiGeorge syndrome critical region gene 2	Dgcr2	2,19	2,19	6,60684E-08	0,002906879	1,15	0,87	0,5736316	0,9999446	1,64	0,61	0,005214468	0,9999979	1,16	1,16	0,09672409	0,9999933	401,44	245,27	461,42	536,93	400,17	401,44	423,21	236,21	254,34	345,28	461,42	546,68	503,18	545,67	536,93
1415869_a_at	tripartite motif-containing 28	Trim28	2,54	2,54	4,20629E-10	1,88354E-05	1,11	1,11	0,9166513	0,9999446	1,65	0,61	0,001616544	0,9999979	1,72	1,72	5,74744E-06	0,2335071	2143,72	1301,75	1929,03	3309,00	2307,25	2143,72	1901,63	1287,62	1315,88	1929,03	1851,14	2542,54	3279,31	3309,00	3337,60
1433765_at	ubiquitin-conjugating enzyme E2O	Ube2o	3,22	3,22	2,83735E-09	0,000126509	1,04	0,97	0,5979905	0,9999446	1,66	0,60	0,01959458	0,9999979	1,88	1,88	0,000109793	0,9999933	74,54	45,49	77,20	144,77	79,54	63,97	74,54	38,94	52,04	62,11	77,20	104,00	133,51	156,44	144,77
1417890_at	pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) phosphatase	Pdxp	2,33	2,33	2,65562E-08	0,001173678	1,03	1,03	0,973622	0,9999446	1,66	0,60	0,005700491	0,9999979	1,45	1,45	0,003611393	0,9999933	233,38	141,41	226,54	327,96	258,72	233,38	208,56	125,38	157,43	199,61	226,54	274,42	327,96	329,40	320,60
1424619_at	splicing factor 3b, subunit 4	Sf3b4	2,01	2,01	2,63573E-08	0,001164967	1,25	0,80	0,05665902	0,9999446	1,66	0,60	0,003426388	0,9999979	1,03	0,97	0,904071	0,9999933	1251,61	754,97	1562,68	1511,69	1420,92	1251,61	1076,76	813,57	696,38	1511,53	1562,68	1669,81	1706,12	1511,69	1490,66
1455071_at	zinc finger and BTB domain containing 7B	Zbtb7b	2,25	2,25	7,53535E-09	0,000334894	1,06	1,06	0,6392214	0,9999446	1,66	0,60	0,003931732	0,9999979	1,44	1,44	0,06688955	0,9999933	535,91	322,08	505,41	725,57	555,44	523,54	535,91	325,28	318,87	505,41	466,68	826,39	705,39	725,57	759,37
1438808_at	transformation related protein 53	Trp53	4,82	4,82	2,12313E-10	9,51969E-06	1,13	0,88	0,7877775	0,9999446	1,67	0,60	0,003434106	0,9999979	2,54	2,54	5,44276E-07	0,02272134	30,30	18,69	34,28	87,22	44,50	30,30	29,20	23,36	14,01	34,28	28,30	46,35	72,34	87,22	96,19
1416956_at	potassium voltage-gated channel, shaker-related subf	Kcnab2	2,32	2,32	1,85744E-10	8,32989E-06	1,18	0,85	0,2367348	0,9999446	1,68	0,60	0,000533055	0,9999979	1,17	1,17	0,04060328	0,9999933	1118,21	665,70	1322,47	1545,13	1150,69	1103,58	1118,21	670,13	661,26	1188,21	1373,55	1322,47	1509,60	1545,13	1568,70
1452178_at	plectin 1 : similar to Plec1 protein	LOC671535 : Plec1	2,01	2,01	2,10248E-07	0,009186786	1,23	1,23	0,170165	0,9999446	1,69	0,59	0,001737294	0,9999979	1,46	1,46	0,001665197	0,9999933	836,25	494,57	679,23	992,08	1020,97	836,25	780,69	483,93	505,21	679,23	667,73	825,20	905,37	1128,68	992,08
1426834_s_at	RIKEN cDNA D930015E06 gene	D930015E06Rik	2,30	2,30	1,46384E-07	0,006410447	1,01	1,01	0,4061621	0,9999446	1,70	0,59	0,000958821	0,9999979	1,37	1,37	0,01207301	0,9999933	433,03	255,52	427,50	586,51	560,71	425,16	433,03	244,18	266,86	397,74	427,96	427,50	450,85	617,42	586,51
1449849_a_at	F-box and leucine-rich repeat protein 6	Fbxl6	2,21	2,21	4,3982E-08	0,001938773	1,25	0,80	0,1798595	0,9999446	1,70	0,59	0,003136196	0,9999979	1,04	1,04	0,3245265	0,9999933	314,48	185,25	392,73	410,17	323,01	314,48	293,45	186,68	183,82	306,02	392,73	439,66	406,84	430,60	410,17
1417585_at	nucleoporin 210	Nup210	2,14	2,14	1,26544E-08	0,000561323	1,04	1,04	0,9205386	0,9999446	1,71	0,59	0,002712121	0,9999979	1,31	1,31	0,003731823	0,9999933	2630,66	1543,77	2517,76	3295,15	2630,66	2236,70	2677,59	1460,60	1626,93	2293,73	2517,76	2827,84	3302,68	3182,03	3295,15
1436542_at	CDNA clone IMAGE:6403517		2,29	2,29	2,40544E-08	0,001063662	1,10	1,10	0,2810346	0,9999446	1,71	0,59	0,000731103	0,9999979	1,48	1,48	0,000360592	0,9999933	485,74	284,62	441,76	652,50	583,95	485,74	476,94	281,22	288,02	441,76	414,59	482,45	618,96	719,43	652,50
1416333_at	docking protein 2	Dok2	2,11	2,11	2,85878E-08	0,00126298	1,25	0,80	0,006046284	0,9999446	1,72	0,58	0,004536743	0,9999979	1,01	0,99	0,2300761	0,9999933	1657,33	976,50	2066,14	2043,17	1657,33	1278,69	1677,88	1116,94	836,08	1962,15	2066,14	2603,62	1874,17	2043,17	2062,05
1426541_a_at	endonuclease domain containing 1	Endod1	6,96	6,96	1,48034E-08	0,000656175	1,16	0,86	0,1177414	0,9999446	1,73	1,73	0,02707453	0,9999979	10,38	10,38	1,33227E-15	5,97416E-11	7,81	16,85	9,04	93,84	10,56	7,81	5,03	26,94	6,75	9,04	11,65	8,15	112,19	73,55	93,84
1442074_at			4,09	4,09	8,4466E-08	0,003711013	1,22	0,82	0,4524917	0,9999446	1,74	1,74	0,08537579	0,9999979	5,84	5,84	2,73115E-14	1,22118E-09	16,07	31,48	19,60	114,47	16,07	29,14	11,60	45,96	17,01	19,60	17,43	23,72	150,35	114,47	100,73
1434079_s_at	minichromosome maintenance deficient 2 mitotin (S. c	Mcm2	2,37	2,37	4,3455E-09	0,00019354	1,01	0,99	0,5712006	0,9999446	1,74	0,57	0,008491131	0,9999979	1,35	1,35	0,00019078	0,9999933	1128,66	655,96	1141,41	1536,51	1237,02	1128,66	789,73	753,78	558,14	1004,36	1141,41	1198,05	1730,03	1452,72	1536,51
1436074_at	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhanc	Nfkbid	2,50	2,50	2,04288E-08	0,000904075	1,22	0,82	0,02451921	0,9999446	1,75	0,57	0,005458409	0,9999979	1,16	1,16	0,4453837	0,9999933	776,08	450,41	950,12	1105,12	824,57	776,08	592,77	532,90	367,93	950,12	889,99	1130,31	941,91	1105,12	1117,17
1450954_at	YME1-like 1 (S. cerevisiae)	Yme1l1	2,55	0,39	1,44902E-08	0,000642352	1,20	0,83	0,09571806	0,9999446	1,75	1,75	0,002762664	0,9999979	1,75	0,57	0,000505507	0,9999933	380,93	681,51	457,97	261,83	380,93	465,09	239,04	816,91	546,10	716,23	457,97	344,23	317,01	261,83	250,81
1435272_at	inositol 1,4,5-trisphosphate 3-kinase B	Itpkb	2,43	2,43	1,81785E-09	8,1165E-05	1,03	1,03	0,8016052	0,9999446	1,76	0,57	0,00135587	0,9999979	1,43	1,43	0,004408758	0,9999933	1631,47	933,55	1582,49	2257,74	1798,22	1370,29	1631,47	846,51	1020,59	1352,58	1582,49	2070,62	1981,20	2320,39	2257,74
1429192_at	ski sarcoma viral oncogene homolog (avian)	Ski	2,83	2,83	9,58902E-11	4,30403E-06	1,13	1,13	0,122595	0,9999446	1,76	0,57	0,000830411	0,9999979	1,82	1,82	1,81257E-05	0,7237596	926,76	530,17	821,75	1491,93	1538,76	792,15	926,76	586,16	474,17	570,10	1097,99	821,75	1470,02	1491,93	1509,27
1424629_at	breast cancer 1	Brca1	2,90	2,90	1,0457E-08	0,000464125	1,19	0,84	0,07534727	0,9999446	1,76	1,76	0,006218784	0,9999979	4,30	4,30	3,23833E-10	1,41629E-05	68,37	122,47	81,03	348,41	73,49	68,37	58,20	145,90	99,03	75,22	126,51	81,03	348,41	315,66	372,19
1433892_at	sperm associated antigen 5	Spag5	3,13	3,13	2,96527E-08	0,001309761	1,25	0,80	0,0760152	0,9999446	1,77	1,77	0,03057086	0,9999979	4,43	4,43	2,07965E-08	0,000889945	19,53	34,99	24,37	108,03	19,53	17,04	31,33	40,57	29,42	23,84	50,26	24,37	108,03	94,99	112,32
1455060_at	Ras-GTPase-activating protein SH3-domain binding p	G3bp1	2,75	2,75	1,26139E-08	0,000559552	1,17	0,85	0,7338949	0,9999446	1,79	0,56	0,002698751	0,9999979	1,32	1,32	0,01865972	0,9999933	219,97	123,31	257,66	339,44	221,06	194,80	219,97	118,72	127,90	144,90	257,66	302,32	283,79	339,44	349,13
1427080_at	RIKEN cDNA 2610036D13 gene	2610036D13Rik	2,12	2,12	8,74077E-08	0,003839644	1,10	1,10	0,5373787	0,9999446	1,79	0,56	0,002045288	0,9999979	1,31	1,31	0,006998586	0,9999933	244,65	136,79	221,59	290,39	264,38	244,65	218,32	135,23	138,34	204,55	221,59	239,32	290,39	287,58	311,54
1429621_at	cullin-associated and neddylation-dissociated 2 (putat	Cand2	2,66	2,66	2,10093E-07	0,009180211	1,11	1,11	0,7536826	0,9999446	1,79	0,56	0,02620645	0,9999979	1,65	1,65	0,00381098	0,9999933	95,69	53,87	86,34	142,22	99,46	95,69	65,14	60,42	47,33	71,70	86,34	117,58	111,32	142,22	145,65
1428148_s_at	coronin 7	Coro7	2,55	2,55	2,36583E-10	1,06065E-05	1,19	0,84	0,8961472	0,9999446	1,80	0,56	0,000388171	0,9999979	1,19	1,19	0,008997739	0,9999933	993,69	554,72	1182,22	1410,50	1274,16	972,23	993,69	517,88	591,56	851,25	1182,22	1292,56	1410,50	1477,78	1406,50
1426783_at	GCN5 general control of amino acid synthesis-like 2 (y	Kat2a	2,54	2,54	6,53592E-09	0,000290633	1,05	0,95	0,4660194	0,9999446	1,80	0,56	0,002321588	0,9999979	1,34	1,34	0,002873097	0,9999933	502,87	283,60	530,16	707,92	559,11	502,87	396,66	333,42	233,78	530,16	515,62	541,97	709,42	707,92	700,55
1454750_a_at	cDNA sequence BC057552	BC057552	2,66	2,66	1,2925E-08	0,000573251	1,21	1,21	0,2925251	0,9999446	1,80	0,55	0,00107232	0,9999979	1,79	1,79	7,23848E-05	0,9999933	604,15	335,27	497,69	889,64	683,40	538,65	604,15	351,47	319,07	453,75	497,69	636,65	755,80	889,64	924,48
1457336_at	R3H domain 1 (binds single-stranded nucleic acids)	R3hdm1	5,33	5,33	1,29898E-11	5,84062E-07	1,08	0,93	0,4580682	0,9999446	1,81	1,81	0,000728436	0,9999979	8,97	8,97	1E-35	1E-35	7,99	15,20	8,60	77,12	7,99	7,92	8,03	19,85	10,54	8,79	8,44	8,60	86,73	77,12	74,25
1447961_s_at	mitochondrial ribosomal protein L38	Mrpl38	2,23	2,23	1,80416E-08	0,000798954	1,22	0,82	0,09420124	0,9999446	1,81	0,55	0,0068233	0,9999979	1,00	1,00	0,8840288	0,9999933	255,75	141,07	312,96	314,10	255,75	269,49	196,04	147,58	134,57	284,12	312,96	344,08	294,76	314,10	315,70
1419122_at	methyltransferase-like 1	Mettl1	2,57	2,57	8,1032E-09	0,000360033	1,18	0,85	0,5072769	0,9999446	1,82	0,55	0,003142997	0,9999979	1,20	1,20	0,03012203	0,9999933	128,21	70,84	151,66	181,54	160,47	109,83	128,21	76,33	65,35	131,74	151,66	154,83	192,69	176,46	181,54
1424281_at	ubiquitin-associated protein 2	Ubap2	2,63	2,63	1,71534E-08	0,000759811	1,09	0,92	0,873053	0,9999446	1,83	0,55	0,000522387	0,9999979	1,32	1,32	0,006900818	0,9999933	316,28	173,23	344,44	454,81	422,14	316,28	313,68	168,21	178,25	297,75	344,44	382,00	432,10	454,81	455,55
1439121_at	Histocompatibility 2, T region locus 10	H2-T10 : H2-T17 : H2-T22 :	2,72	2,72	8,50262E-09	0,000377695	1,22	1,22	0,09720244	0,9999446	1,83	0,55	0,00293575	0,9999979	1,81	1,81	5,42072E-06	0,2203846	262,23	143,47	214,89	389,47	359,92	208,50	262,23	138,76	148,17	235,09	164,41	214,89	389,47	468,49	384,56
1417551_at	ceroid lipofuscinosis, neuronal 3, juvenile (Batten, Spi	Cln3	2,16	2,16	1,15432E-07	0,005062032	1,17	0,86	0,259817	0,9999446	1,84	0,54	0,002193096	0,9999979	1,01	1,01	0,627534	0,9999933	285,52	155,88	333,16	336,02	335,01	226,66	285,52	166,92	144,83	314,03	342,65	333,16	323,88	383,13	336,02
1417229_at	calpain 1	Capn1	4,96	4,96	7,25838E-11	3,25858E-06	1,15	0,87	0,3766728	0,9999446	1,84	0,54	0,003128956	0,9999979	2,35	2,35	0,00617484	0,9999933	189,31	103,72	217,89	511,07	168,23	217,23	189,31	92,12	115,32	114,21	217,89	536,64	370,23	516,81	511,07
1415952_at	MAP/microtubule affinity-regulating kinase 2	Mark2	2,75	2,75	1,68301E-08	0,000745622	1,03	1,03	0,8662063	0,9999446	1,84	0,54	0,000157777	0,9999979	1,54	1,54	0,07181767	0,9999933	1121,50	609,63	1084,76	1675,05	1239,63	1121,50	1081,39	608,76	610,50	833,24	1084,76	1797,15	1215,21	1675,05	1707,94
1460594_a_at	GDP-mannose pyrophosphorylase A	Gmppa	2,37	2,37	8,70033E-08	0,003821968	1,19	0,84	0,49017	0,9999446	1,85	0,54	0,000825707	0,9999979	1,07	1,07	0,1257559	0,9999933	237,34	128,33	283,52	303,68	273,73	237,34	223,85	132,06	124,60	289,20	283,52	236,05	336,33	303,07	303,68
1417098_s_at	mitochondrial trans-2-enoyl-CoA reductase	Mecr	2,16	2,16	1,50118E-07	0,006573049	1,02	1,02	0,9787936	0,9999446	1,85	0,54	0,001601072	0,9999979	1,18	1,18	0,0828459	0,9999933	156,00	84,40	153,48	181,65	156,00	140,28	156,78	89,21	79,59	164,95	153,48	134,00	175,27	181,65	184,32
1437861_s_at	protein kinase C, epsilon	Prkce	2,93	2,93	3,716E-08	0,001639353	1,01	0,99	0,56379	0,9999446	1,85	0,54	0,002630138	0,9999979	1,56	1,56	0,00101582	0,9999933	80,66	43,66	81,80	127,36	103,35	73,95	80,66	40,35	46,97	51,28	81,80	106,79	127,36	119,77	147,14
1428451_at	leucine rich repeat containing 47	Lrrc47	2,06	2,06	5,68358E-08	0,00250231	1,07	0,93	0,4735606	0,9999446	1,86	0,54	0,000319065	0,9999979	1,03	1,03	0,96883	0,9999933	1205,49	649,55	1295,10	1337,69	1379,37	1110,95	1205,49	632,55	666,55	1295,10	1265,13	1472,66	1372,36	1337,69	1326,99
1424255_at	suppressor of Ty 5 homolog (S. cerevisiae)	Supt5h	2,10	2,10	5,95276E-08	0,002620165	1,06	1,06	0,5852612	0,9999446	1,86	0,54	0,000325552	0,9999979	1,19	1,19	0,08325002	0,9999933	2077,51	1118,97	1967,55	2346,27	2670,75	1694,26	2077,51	1036,07	1201,87	1967,55	2039,84	1926,37	2053,59	2346,27	2359,24
1435762_at	phosphofurin acidic cluster sorting protein 1	Pacs1	2,36	2,36	7,43014E-09	0,000330255	1,19	0,84	0,4433419	0,9999446	1,88	0,53	0,000796596	0,9999979	1,06	1,06	0,2728887	0,9999933	586,76	312,96	696,61	737,32	586,76	500,85	632,22	301,28	324,63	440,97	696,61	866,59	640,27	737,32	847,31
1435965_at	CCR4-NOT transcription complex, subunit 3	Cnot3	3,04	3,04	5,13756E-11	2,30712E-06	1,18	0,85	0,3327126	0,9999446	1,88	0,53	0,00012599	0,9999979	1,37	1,37	0,001421639	0,9999933	915,90	491,46	1076,87	1480,45	1128,95	887,39	915,90	428,77	554,14	917,41	1076,87	1352,52	1454,71	1480,45	1678,75
1417084_at	eukaryotic translation initiation factor 4E binding prote	Eif4ebp2	3,10	3,10	1,53605E-09	6,86171E-05	1,05	0,95	0,2796588	0,9999446	1,88	0,53	0,001659282	0,9999979	1,57	1,57	0,09304432	0,9999933	527,04	281,28	553,55	866,78	703,62	442,04	527,04	310,18	252,39	553,55	533,90	980,78	866,78	727,09	884,53
1423066_at	DNA methyltransferase 3A	Dnmt3a	6,20	6,20	4,23355E-08	0,001866489	1,20	0,83	0,4610491	0,9999446	1,89	1,89	0,07301136	0,9999979	9,78	9,78	3,33067E-16	1,495E-11	41,36	104,65	49,54	484,51	71,60	41,36	31,33	174,26	35,05	45,55	49,54	61,38	478,19	548,22	484,51
1426816_at	coiled-coil domain containing 64	Ccdc64	2,49	2,49	9,81397E-08	0,004308333	1,02	1,02	0,7397872	0,9999446	1,89	0,53	0,001181146	0,9999979	1,34	1,34	0,01767019	0,9999933	228,48	121,29	223,22	300,23	242,60	214,78	228,48	109,19	133,39	168,55	223,22	270,46	264,84	300,23	323,23
1434653_at	PTK2 protein tyrosine kinase 2 beta	Ptk2b	2,61	2,61	5,46456E-10	2,44583E-05	1,03	0,97	0,162153	0,9999446	1,90	0,53	0,001869442	0,9999979	1,34	1,34	0,2071837	0,9999933	732,55	391,06	752,53	1006,73	758,19	562,83	732,55	330,81	451,31	685,59	752,53	1184,40	941,67	1006,73	1011,65
1443609_s_at	synovial apoptosis inhibitor 1, synoviolin	Syvn1	3,09	3,09	8,44316E-11	3,79022E-06	1,24	0,80	0,0953257	0,9999446	1,90	0,53	0,001085326	0,9999979	1,31	1,31	0,02836161	0,9999933	294,83	155,03	366,31	478,83	335,51	247,74	294,83	156,83	153,23	318,14	366,31	444,63	490,15	478,83	432,66
1455441_at	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7	Map3k7	2,39	2,39	1,39633E-07	0,006116323	1,05	0,96	0,6970319	0,9999446	1,90	0,53	0,001520447	0,9999979	1,20	1,20	0,05532988	0,9999933	267,17	141,74	279,66	336,08	378,62	231,72	267,17	122,49	160,99	213,56	322,47	279,66	283,22	336,08	395,98
1428188_at	RIKEN cDNA 2610019A05 gene	Strada	2,27	2,27	4,7788E-08	0,002105873	1,08	0,92	0,7587479	0,9999446	1,90	0,53	0,000305092	0,9999979	1,10	1,10	0,3011934	0,9999933	204,22	107,31	221,44	243,89	216,76	201,58	204,22	110,88	103,75	186,87	245,47	221,44	236,76	245,79	243,89
1416580_a_at	STIP1 homology and U-Box containing protein 1	Stub1	2,34	2,34	1,96942E-09	8,7901E-05	1,17	1,17	0,1113332	0,9999446	1,92	0,52	0,000203447	0,9999979	1,42	1,42	6,56618E-05	0,9999933	1611,25	844,10	1377,26	1958,72	1623,09	1545,01	1611,25	942,26	745,94	1166,15	1380,18	1377,26	1862,03	1958,72	1989,43
1448114_a_at	HpaII tiny fragments locus 9c	Trmt2a	2,30	2,30	1,542E-07	0,00675089	1,18	1,18	0,1125027	0,9999446	1,95	0,51	0,000217069	0,9999979	1,39	1,39	0,002334801	0,9999933	692,73	356,46	588,35	819,26	887,08	692,73	609,68	381,57	331,35	589,84	588,35	574,82	698,43	819,26	850,69
1426971_at	ubiquitin-activating enzyme E1-like	Ube1l	2,14	2,14	1,03435E-08	0,000459119	1,08	0,92	0,8725542	0,9999446	1,95	0,51	0,000241796	0,9999979	1,01	1,01	0,3761978	0,9999933	765,49	392,40	829,33	838,74	773,00	765,49	708,98	405,05	379,76	639,70	843,22	829,32	781,85	877,49	838,74
1429124_s_at	REX1, RNA exonuclease 1 homolog (S. cerevisiae)	Rexo1	2,58	2,58	3,8966E-09	0,00017359	1,18	1,18	0,1366971	0,9999446	1,95	0,51	0,000174401	0,9999979	1,55	1,55	0,000582147	0,9999933	480,67	246,47	408,67	634,43	662,88	421,89	480,67	235,35	257,59	408,67	394,99	433,94	544,30	660,30	634,43
1419997_at		Mfn1	3,06	0,33	1,9482E-07	0,008516741	1,16	1,16	0,3433405	0,9999446	1,96	1,96	0,02484361	0,9999979	1,35	0,74	0,1830184	0,9999933	42,00	86,05	36,26	26,87	42,00	78,76	24,86	111,80	60,30	59,82	18,50	36,26	27,98	26,87	25,33
1450023_at	GTP binding protein 1	Gtpbp1	2,40	2,40	2,59528E-09	0,000115747	1,11	0,90	0,1229086	0,9999446	1,96	0,51	0,000652711	0,9999979	1,11	1,11	0,8822929	0,9999933	682,07	348,50	754,95	835,80	682,07	559,63	775,23	355,53	341,46	737,04	754,95	1070,66	835,80	815,90	914,49
1419631_at	Wiskott-Aldrich syndrome homolog (human)	Was	2,29	2,29	4,36419E-09	0,000194368	1,01	0,99	0,535698	0,9999446	1,98	0,51	0,000443088	0,9999979	1,15	1,15	0,228671	0,9999933	1784,76	903,36	1798,78	2071,23	1891,08	1784,76	1350,15	908,12	898,60	1443,59	1798,78	2251,48	1922,87	2071,23	2085,64
1418181_at	protein tyrosine phosphatase 4a3	Ptp4a3	2,69	2,69	2,51097E-09	0,000112002	1,19	0,84	0,120431	0,9999446	1,99	0,50	0,000496396	0,9999979	1,14	1,14	0,3773288	0,9999933	1380,40	693,85	1636,82	1862,99	1552,00	1007,04	1380,40	723,50	664,21	1219,42	1636,82	2105,37	1482,98	1862,99	2009,06
1417865_at	tumor necrosis factor, alpha-induced protein 1 (endoth	Tnfaip1	2,19	2,19	1,59756E-07	0,006991223	1,03	1,03	0,5900871	0,9999446	2,00	0,50	0,000142801	0,9999979	1,12	1,12	0,2165568	0,9999933	284,03	142,55	276,27	310,58	348,47	284,03	272,34	128,96	156,14	264,87	276,27	293,50	307,02	330,42	310,58
1454781_x_at	COMM domain containing 9	Commd9	3,01	0,33	6,2961E-09	0,000280013	1,20	1,20	0,8639354	0,9999446	2,01	2,01	0,004077921	0,9999979	1,26	0,80	0,02234554	0,9999933	79,65	159,85	66,65	53,10	79,65	113,02	73,85	153,24	166,47	162,69	54,87	66,65	49,41	53,10	60,04
1451099_at	membrane bound C2 domain containing protein	Mbc2	2,57	2,57	1,8128E-09	8,09451E-05	1,11	0,90	0,2875046	0,9999446	2,01	0,50	5,53953E-05	0,9999979	1,15	1,15	0,8419564	0,9999933	1896,29	943,63	2113,51	2428,48	1965,76	1896,29	1852,74	925,30	961,96	1597,40	2113,51	3262,10	1981,43	2428,48	2454,30
1451057_x_at	dynamin 2	Dnm2	2,72	2,72	1,82131E-08	0,000806529	1,01	1,01	0,6444949	0,9999446	2,03	0,49	0,000265512	0,9999979	1,36	1,36	0,07826673	0,9999933	462,11	228,12	456,20	619,57	462,11	478,10	416,54	209,67	246,58	376,92	456,20	664,32	510,05	619,57	739,72

1417397_at	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger),	Slc9a1	2,30	2,30	1,07546E-07	0,004718274	1,06	1,06	0,8504208	0,9999446	2,03	0,49	0,000424035	0,9999979	1,20	1,20	0,3509743	0,9999933	285,27	140,26	267,91	322,00	285,27	294,16	251,35	139,35	141,18	260,81	267,91	327,34	275,59	322,00	345,46
1451672_at	G protein-coupled receptor kinase 6	Grk6	2,29	2,29	3,37057E-08	0,001487937	1,02	1,02	0,5571361	0,9999446	2,04	0,49	3,46643E-05	0,9999979	1,14	1,14	0,3782371	0,9999933	1938,86	948,85	1899,44	2173,74	2329,78	1938,86	1747,24	958,77	938,93	1331,93	1899,44	2435,34	1734,58	2194,41	2173,74
1451174_at	leucine rich repeat containing 33	Lrrc33	2,12	2,12	3,24926E-08	0,001434774	1,17	0,85	0,1659387	0,9999446	2,07	0,48	6,02132E-05	0,9999979	1,15	0,87	0,04910279	0,9999933	1177,53	569,53	1380,56	1202,29	1347,82	1130,84	1177,53	605,38	533,68	1255,73	1380,56	1761,39	1198,23	1202,29	1286,78
1420204_at			3,47	0,29	1,54498E-09	6,90126E-05	1,06	0,95	0,6523604	0,9999446	2,08	2,08	0,04831929	0,9999979	1,76	0,57	0,004683928	0,9999933	74,69	158,04	78,82	44,75	74,69	171,30	56,62	188,11	127,98	140,97	45,84	78,82	49,88	44,75	39,62
1449273_at	cytoplasmic FMR1 interacting protein 2	Cyfip2	3,27	3,27	1,70291E-08	0,000754354	1,14	0,88	0,8853664	0,9999446	2,10	0,48	0,000627003	0,9999979	1,37	1,37	0,0104117	0,9999933	440,97	226,32	503,93	688,15	781,28	354,83	440,97	309,50	143,14	369,52	503,93	607,70	622,84	688,15	720,97
1443938_at	Transcribed locus		2,38	0,42	1,35648E-07	0,0059433	1,20	1,20	0,0236442	0,9999446	2,11	2,11	0,002202582	0,9999979	1,06	1,06	0,4808377	0,9999933	9,61	20,36	8,04	8,50	9,61	15,47	9,10	22,48	18,24	9,22	6,79	8,04	8,05	8,91	8,50	
1434278_at	X-linked myotubular myopathy gene 1	Mtm1	2,50	2,50	1,27941E-09	5,71756E-05	1,03	0,97	0,7453334	0,9999446	2,11	2,11	0,000680901	0,9999979	5,13	5,13	1,09579E-13	4,89139E-09	280,48	594,91	288,65	1479,83	238,33	349,37	280,48	649,16	540,67	288,65	300,19	229,63	1338,72	1479,83	1615,51
1418015_at	pumilio 2 (Drosophila)	Pum2	3,15	3,15	4,76714E-11	2,14102E-06	1,18	0,84	0,2487614	0,9999446	2,12	0,47	1,79439E-05	0,7968168	1,26	1,26	0,01039369	0,9999933	873,64	419,91	1034,96	1300,79	1100,65	812,76	873,64	341,43	498,40	1034,96	1129,66	1014,37	1250,09	1300,79	1433,69
1444258_at	Transcribed locus		2,32	2,32	8,39901E-08	0,003690355	1,18	0,85	0,696322	0,9999446	2,12	0,47	0,000222454	0,9999979	1,08	0,93	0,6460302	0,9999933	218,55	103,16	257,05	238,99	299,00	204,60	218,55	105,32	101,00	257,05	213,81	294,62	226,83	256,73	238,99	
1420275_at			2,63	0,38	7,60525E-08	0,003343573	1,17	0,85	0,5483844	0,9999446	2,12	2,12	0,07005667	0,9999979	1,45	0,69	0,003437211	0,9999933	80,72	174,43	94,46	65,10	80,72	202,87	66,01	206,33	142,53	106,98	71,96	94,46	65,10	66,35	54,23	
1419640_at	purine rich element binding protein B	Purb	3,45	3,45	1,45948E-10	6,54752E-06	1,15	1,15	0,2176684	0,9999446	2,16	0,46	7,99171E-05	0,9999979	1,84	1,84	0,000244156	0,9999933	543,47	257,96	471,33	867,41	664,58	514,49	543,47	316,21	199,71	293,33	471,33	691,24	867,41	785,90	905,26	
1436746_at	WNK lysine deficient protein kinase 1	Wnk1	4,34	4,34	1,85995E-08	0,000823549	1,05	0,96	0,9291789	0,9999446	2,18	2,18	0,01802787	0,9999979	9,04	9,04	6,66134E-16	2,98834E-11	253,97	655,47	265,59	2402,02	449,65	253,97	203,60	1006,35	304,59	265,59	256,65	324,47	2506,84	2162,15	2402,02	
1417796_at	G protein pathway suppressor 2	Gps2	2,51	2,51	1,56485E-09	6,98987E-05	1,00	1,00	0,9377732	0,9999446	2,19	0,46	0,00012427	0,9999979	1,14	1,14	0,1511529	0,9999933	395,14	180,59	396,78	452,49	436,63	356,63	395,14	193,43	167,75	456,63	396,78	351,53	437,77	498,88	452,49	
1438208_at	TAO kinase 2	Taok2	3,82	3,82	9,59796E-10	4,29173E-05	1,08	0,93	0,1917419	0,9999446	2,20	0,45	0,001368778	0,9999979	1,61	1,61	0,05446591	0,9999933	138,71	64,87	149,73	240,67	143,01	97,66	138,71	49,29	80,46	102,51	149,73	284,83	196,64	240,67	262,71	
1418975_at	NCK interacting protein with SH3 domain	Nckipsd	2,07	2,07	1,97147E-07	0,008617903	1,15	1,15	0,4779211	0,9999446	2,21	0,45	0,000191955	0,9999979	1,07	1,07	0,4661066	0,9999933	139,21	62,89	121,27	129,97	158,75	139,21	117,92	62,71	63,07	115,16	121,27	133,26	129,97	141,46	129,17	
1434743_x_at	RUN and SH3 domain containing 1	Rusc1	2,15	2,15	4,89044E-09	0,000217723	1,08	0,93	0,8109332	0,9999446	2,22	0,45	2,29517E-06	0,1024724	1,11	0,90	0,1313806	0,9999933	568,65	256,22	612,94	551,20	679,14	568,65	566,10	243,41	269,03	572,63	679,51	612,94	551,81	551,20	522,62	
1421122_at	Casitas B-lineage lymphoma-like 1	Cbll1	2,58	2,58	3,71753E-08	0,001639988	1,05	0,95	0,3790492	0,9999446	2,23	0,45	0,002687377	0,9999979	1,10	1,10	0,2935216	0,9999933	292,40	131,37	307,30	339,37	361,55	292,40	170,62	131,63	131,11	289,63	307,30	314,22	360,84	311,59	339,37	
1420038_at	VATPase, H+ transporting, lysosomal V1 subunit E1	Atp6v1e1	3,14	0,32	1,31016E-09	5,85483E-05	1,19	0,84	0,874369	0,9999446	2,23	2,23	0,1712921	0,9999979	1,68	0,59	0,00099774	0,9999933	136,52	304,16	162,99	96,93	136,52	515,70	99,56	309,59	298,73	334,02	111,60	162,99	100,80	96,93	78,98	
1451046_at	zinc finger protein, multitype 1 : similar to FOG	LOC100047651 : Zfpm1	3,11	3,11	1,72638E-10	7,743E-06	1,24	0,81	0,1958021	0,9999446	2,23	0,45	6,0437E-05	0,9999979	1,13	1,13	0,4022864	0,9999933	351,54	157,60	434,74	490,13	351,54	318,53	354,55	154,10	161,10	262,54	434,74	707,67	483,41	503,14	490,13	
1428506_at	5-aminoimidazole-4-carboxamide ribonucleotide form	Atic	2,20	2,20	6,74119E-09	0,000299747	1,20	1,20	0,8008654	0,9999446	2,26	0,44	0,000101866	0,9999979	1,17	1,17	0,138615	0,9999933	1916,16	847,40	1600,14	1864,34	1916,55	1916,16	1353,74	842,86	851,95	1488,09	1600,14	1904,43	1902,73	1816,52	1864,34	
1451778_at	CREB regulated transcription coactivator 3 : similar to	Crtc3 : LOC100047733	4,68	4,68	3,81613E-10	1,70913E-05	1,17	1,17	0,1102993	0,9999446	2,27	0,44	0,000535311	0,9999979	2,40	2,40	4,76634E-08	0,002028028	261,31	123,11	224,06	538,70	511,87	261,31	203,46	166,54	79,69	178,11	224,06	274,14	487,10	538,70	606,12	
1450662_at	testis specific protein kinase 1	Tesk1	2,21	2,21	1,36551E-07	0,00598244	1,10	0,91	0,5219452	0,9999446	2,29	0,44	5,77203E-05	0,9999979	1,14	0,88	0,1619012	0,9999933	253,52	110,57	278,63	244,28	280,99	235,17	253,52	106,12	115,02	223,57	278,63	362,25	227,73	249,65	244,28	
1436360_at	Zinc finger and SCAN domain containing 22	Zscan22	2,11	2,11	1,09448E-07	0,004801023	1,10	0,91	0,8307329	0,9999446	2,31	0,43	1,5998E-05	0,7106462	1,21	0,82	0,3898698	0,9999933	252,16	109,47	278,46	229,51	316,96	252,16	225,44	98,89	120,05	205,10	278,46	286,62	224,92	229,51	236,67	
1456113_at	TBC1 domain family, member 25	Tbc1d25	2,67	2,67	5,57187E-08	0,002453517	1,17	0,85	0,2231747	0,9999446	2,32	0,43	0,00010019	0,9999979	1,01	0,99	0,6554188	0,9999933	92,31	40,08	108,04	106,45	104,65	87,92	92,31	44,51	35,65	99,30	108,04	142,58	106,21	115,28	106,45	
1449772_at	TBC1 domain family, member 14	Tbc1d14	3,55	0,28	1,29075E-08	0,000572501	1,07	0,94	0,2249866	0,9999446	2,32	2,32	0,02019722	0,9999979	1,63	0,61	0,04787437	0,9999933	74,58	175,65	79,57	48,71	74,58	169,23	62,04	206,91	144,39	85,90	50,22	79,57	62,59	48,71	44,37	
1415886_at	SH2 domain containing 3C	Sh2d3c	2,11	2,11	2,24231E-07	0,009793974	1,04	0,96	0,3741547	0,9999446	2,33	0,43	3,2529E-05	0,9999979	1,16	0,87	0,04123001	0,9999933	620,47	266,36	647,82	560,64	632,77	532,96	620,47	250,37	282,34	616,24	647,82	759,27	493,57	572,97	560,64	
1431938_a_at	phosphomannomutase 2	Pmm2	2,14	2,14	1,42218E-07	0,00622899	1,19	0,84	0,2888499	0,9999446	2,36	0,42	1,46764E-05	0,6521023	1,31	0,76	0,002200402	0,9999933	644,84	273,32	765,48	584,25	745,41	598,11	644,84	280,59	266,05	712,69	765,48	788,23	543,26	584,25	605,84	
1425136_x_at	dynamin 2	Dnm2	2,41	2,41	1,44484E-09	6,45512E-05	1,14	0,88	0,7786176	0,9999446	2,37	0,42	4,08671E-06	0,1822141	1,12	0,89	0,3185706	0,9999933	716,82	302,60	818,74	727,79	950,97	711,91	716,82	287,70	317,50	758,91	818,74	869,67	727,79	808,25	721,14	
1426677_at	filamin, alpha	Flna	2,43	2,43	2,18754E-08	0,000967637	1,01	1,01	0,9628821	0,9999446	2,38	0,42	2,16437E-06	0,09664784	1,03	1,03	0,7496408	0,9999933	2622,31	1104,05	2593,51	2677,14	2622,31	2732,89	2470,06	1032,16	1175,94	2310,94	2593,51	2997,51	2238,43	2677,14	2782,42	
1442288_at	Annexin A6	Anxa6	3,29	3,29	1,34976E-09	6,03154E-05	1,12	1,12	0,6404525	0,9999446	2,39	0,42	4,26945E-05	0,9999979	1,55	1,55	0,07774445	0,9999933	469,71	197,22	418,25	647,49	474,69	469,71	403,26	212,72	181,72	418,25	378,23	716,82	538,14	647,49	699,31	
1431328_at	protein phosphatase 1, catalytic subunit, beta isoform	Ppp1cb	5,59	0,18	1,77069E-10	7,94156E-06	1,16	1,16	0,858112	0,9999446	2,41	2,41	0,000262978	0,9999979	2,00	0,50	0,000799836	0,9999933	85,04	206,47	73,32	36,70	85,04	174,50	52,85	182,54	230,39	224,46	55,57	73,32	55,17	36,70	32,75	
1425791_at	paraoxonase 2	Pon2	3,42	3,42	4,94908E-09	0,000220323	1,21	0,82	0,7661503	0,9999446	2,46	0,41	4,19991E-05	0,9999979	1,14	1,14	0,2475342	0,9999933	73,65	29,96	89,32	102,25	107,23	66,57	73,65	27,71	32,22	89,32	75,04	91,26	78,49	118,29	102,25	
1437938_x_at	dynamin 2	Dnm2	2,64	2,64	6,06361E-08	0,002668774	1,02	0,98	0,7301211	0,9999446	2,47	0,40	3,24597E-05	0,9999979	1,04	1,04	0,6537777	0,9999933	115,33	47,48	117,86	123,02	126,27	115,33	102,13	38,42	56,54	107,18	117,86	137,37	123,02	134,64	122,61	
1441116_at			3,30	0,30	1,08536E-07	0,004761238	1,11	1,11	0,3829314	0,9999446	2,53	2,53	2,43494E-05	0,9999979	1,18	0,85	0,1394477	0,9999933	14,22	36,00	12,82	10,89	12,91	15,29	14,22	35,26	36,74	12,45	12,88	12,82	10,89	11,76	10,34	
1435087_at	zinc finger protein 362	Zfp362	3,15	3,15	2,32252E-10	1,04126E-05	1,04	1,04	0,3214669	0,9999446	2,54	0,39	3,04221E-06	0,1357283	1,30	1,30	0,01837838	0,9999933	694,23	274,83	664,71	862,18	940,88	688,07	694,23	249,31	300,34	663,18	678,09	664,71	862,18	786,23	867,55	
1435527_at	nuclear factor I/C	Nfic	2,26	2,26	9,92318E-08	0,004356177	1,13	1,13	0,1310907	0,9999446	2,54	0,39	1,83833E-06	0,08212189	1,00	1,00	0,3027838	0,9999933	501,96	198,70	445,20	446,48	501,96	489,80	519,98	219,34	178,06	355,79	445,20	447,44	446,48	426,25	513,03	
1420042_at	THO complex 1	Thoc1	3,13	0,32	6,74787E-10	3,01913E-05	1,24	1,24	0,8144274	0,9999446	2,54	2,54	0,002181523	0,9999979	1,01	1,01	0,04589501	0,9999933	6,63	16,87	5,35	5,40	6,63	14,05	4,01	16,68	17,06	11,78	5,07	5,35	5,40	5,45	4,51	
1440448_at	Transcribed locus		4,12	4,12	2,98988E-10	1,33971E-05	1,22	0,82	0,07199125	0,9999446	2,57	2,57	1,73779E-05	0,7717677	8,66	8,66	5,55001E-13	2,47053E-08	46,35	120,67	56,60	490,09	47,59	37,19	46,35	141,17	100,18	48,30	56,60	79,70	407,75	509,46	490,09	
1441797_at	Transcribed locus, strongly similar to XP_001474348.1 PREDICTED: similar to histi		2,47	2,47	5,48E-08	0,002413116	1,04	0,96	0,8984796	0,9999446	2,57	0,39	2,883E-05	0,9999979	1,08	0,93	0,6404344	0,9999933	196,81	76,64	204,54	189,50	196,81	194,30	211,67	78,26	75,02	204,54	171,91	244,29	189,50	210,39	184,95	
1440773_at			3,26	3,26	1,21872E-07	0,005343101	1,02	1,02	0,7123132	0,9999446	2,59	0,39	0,000434867	0,9999979	1,28	1,28	0,2745086	0,9999933	90,51	35,64	88,93	113,88	90,51	61,38	115,02	28,79	42,48	135,73	88,93	65,37	95,61	113,88	116,45	
1438369_x_at	transmembrane protein 85	Tmem85	3,53	0,28	1,2705E-09	5,67797E-05	1,00	1,00	0,8712009	0,9999446	2,62	2,62	0,000735942	0,9999979	1,35	0,74	0,006791575	0,9999933	160,51	429,15	160,91	119,06	126,85	288,87	160,51	513,97	344,33	269,74	149,04	160,91	145,62	119,06	110,73	
1425135_a_at	dynamin 2	Dnm2	2,12	2,12	2,60047E-08	0,001149509	1,10	1,10	0,8232647	0,9999446	2,63	0,38	1,51024E-06	0,06749102	1,13	0,89	0,05073124	0,9999933	970,14	369,14	881,60	783,28	997,66	808,86	970,14	371,59	366,70	881,02	881,60	933,07	783,28	810,58	711,19	
1438309_at	activin A receptor, type IC	Acvr1c	2,12	0,47	1,13908E-07	0,004995442	1,11	1,11	0,4127787	0,9999446	2,64	2,64	7,43978E-08	0,003335997	1,38	1,38	8,93984E-05	0,9999933	7,39	19,56	6,65	9,20	7,39	7,50	5,64	20,86	18,25	6,65	5,33	6,75	9,37	8,89	9,20	
1455042_at	CDNA clone IMAGE:5721202		2,41	2,41	2,78196E-10	1,24685E-05	1,17	0,86	0,2506638	0,9999446	2,75	0,36	1,58357E-06	0,07076026	1,33	0,75	0,001277549	0,9999933	1087,41	399,21	1268,70	954,96	1304,09	1087,41	916,37	449,52	348,91	1268,70	1318,28	1216,18	954,96	950,03	977,23	
1434987_at	aldehyde dehydrogenase 2, mitochondrial	Aldh2	3,78	0,26	4,92984E-08	0,002172037	1,06	1,06	0,5894914	0,9999446	2,75	2,75	0,01518879	0,9999979	1,30	0,77	0,03348384	0,9999933	10,94	32,93	10,33	7,95	10,94	30,71	8,32	46,39	19,48	24,99	7,06	10,33	7,81	8,45	7,95	
1438797_at	Transcribed locus		2,79	0,36	1,57347E-07	0,006887701	1,05	0,96	0,308835	0,9999446	2,93	2,93	1,70738E-05	0,7583509	1,01	1,01	0,2361148	0,9999933	22,03	65,26	23,04	23,18	22,03	28,85	16,69	74,64	55,89	39,25	23,04	20,06	23,18	24,22	19,73	
1419045_at	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosph	Slc25a23	2,94	2,94	5,39309E-08	0,002375115	1,16	0,86	0,9637577	0,9999446	2,94	0,34	2,05945E-05	0,9142298	1,16	0,86	0,4332336	0,9999933	113,95	38,77	131,94	113,80	162,56	113,95	95,83	38,94	38,60	101,33	136,10	131,94	97,11	113,80	121,94	
1416852_a_at	neurochondrin	Ncdn	2,32	2,32	1,03781E-07	0,00455401	1,02	0,98	0,7729081	0,9999446	2,95	0,34	3,79169E-05	0,1690792	1,30	0,77	0,02131983	0,9999933	474,25	161,03	485,05	372,70	531,12	369,24	474,25	152,68	169,39	434,98	485,05	497,78	384,47	358,42	372,70	
1460268_at			3,58	0,28	1,53233E-08	0,000679161	1,04	0,96	0,9025509	0,9999446	3,08	3,08	4,91861E-05	0,9999979	1,21	0,82	0,1003688	0,9999933	49,18	155,55	51,28	42,30	49,18	69,42	40,99	191,56	119,53	51,28	44,14	58,16	42,30	44,93	38,52	
1441788_s_at	dyskeratosis congenita 1, dyskerin homolog (human)	Dkc1	3,01	0,33	3,94485E-08	0,001739836	1,17	1,17	0,3932626	0,9999446	3,09	3,09	6,82096E-06	0,3037099	1,20	1,20	0,1759727	0,9999933	241,87	748,68	207,28	248,45	222,64	346,69	241,87	766,66	730,70	351,39	207,28	158,94	358,39	247,02	248,45	
1436158_at	eukaryotic translation initiation factor 4E binding prote	Eif4ebp2	2,77	2,77	7,43742E-10	3,32698E-05	1,13	1,13	0,8367897	0,9999446	3,12	0,32	9,37735E-07	0,0419327	1,00	1,00	0,3839283	0,9999933	1714,78	555,30	1522,65	1522,20	2025,35	1714,78	1252,35	475,95	634,65	1522,65	1497,45	1765,23	1522,20	1525,37	1422,66	
1418997_at	LYR motif containing 5	Lyrm5	2,99	0,33	1,73026E-07	0,007568312	1,07	1,07	0,8009711	0,9999446	3,43	3,43	0,000106309	0,9999979	1,23	1,23	0,9203886	0,9999933	13,07	46,44	12,17	15,02	13,07	26,36	11,96	58,56	34,33	25,76	12,17	11,28	15,02	13,37	16,80	
1435664_at	zinc finger protein 397	Zfp397	3,12	3,12	4,41668E-08	0,001946873	1,23	0,81	0,5526878	0,9999446	3,53	0,28	2,62041E-06	0,1169489	1,40	0,72	0,02881032	0,9999933	88,45	25,41	109,07	78,08	116,60	76,53	88,45	29,67	21,14	110,29	109,07	89,31	92,18	78,08	63,64	
1432004_a_at	dynamin 2	Dnm2	3,47	3,47	6,50662E-08	0,002862912	1,10	1,10	0,82439	0,9999446	4,16	0,24	5,50531E-07	0,02463679	1,09	0,92	0,3973071	0,9999933	87,66	21,83	79,57	73,06	87,66	97,25	71,77	27,54	16,12	60,69	79,57	112,62	73,06	91,76	55,74	
1454373_x_at	ubiquitin C	Ubc	13,61	0,07	2,36478E-14	1,0651E-09	1,09	1,09	0,02682084	0,9999446	4,18	4,18	0,000554916	0,9999979	2,99	0,33	0,000256226	0,9999933	204,68	889,47	188,34	62,93	196,85	615,71	204,68	1130,50	648,44	264,22	73,82	188,34	79,17	62,93	50,53	
1421299_a_at	lymphoid enhancer binding factor 1	Lef1	3,21	3,21	2,46748E-10	1,10612E-05	1,02	0,98	0,539368	0,9999446	4,40	0,23	9,07797E-09	0,000407601	1,40	0,71	0,04760781	0,9999933	780,37	178,24	798,52	568,59	995,33	615,50	780,37	197,37	159,10	454,31	961,44	798,52	568,59	442,49	591,46	
1455034_at	nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2	Nr4a2	2,93	0,34	2,32742E-08	0,001029302	1,06	1,06	0,3591033	0,9999446	5,85	5,85	1,3659E-10	6,14339E-06	2,11	2,11	1,0797E-06	0,04474147	12,23	71,62	11,59	24,42	12,25	12,23	8,36	68,49	74,76	15,11	11,59	10,40	25,65	23,62	24,42	
1437405_a_at	insulin-like growth factor binding protein 4	Igfbp4	2,28	2,28	7,36058E-09	0,000327178	1,03	1,03	0,6729985	0,9999446	11,11	0,09	2,22045E-15	1,00036E-10	4,73	0,21	3,33067E-16	1,495E-11	8177,65	737,41	7944,58	1679,78	8630,89	8177,65	7258,89	693,70	781,13	7944,58	7070,58	10327,22	1679,78	1691,57	1565,01	
1423756_s_at	insulin-like growth factor binding protein 4	Igfbp4	3,02	3,02	8,50209E-12	3,82415E-07	1,15	1,15	0,9118909	0,9999446	18,76	0,05	4,44089E-16	2,00076E-11	5,38	0,19	2,02571E-12	8,99295E-08	4385,92	234,67	3798,05	705,64	4870,90	4385,92	4019,33	214,09	255,24	3016,19	3798,05	7119,52	662,63	705,64	744,65