

1 Data

The data used to train and evaluate the LDA model described in this work are detailed below. In each case, we provide the transition probability data derived from the sequences. The 16 dinucleotide transition probabilities are listed immediately under a line describing the sequence by a unique identifier and information regarding the source of the sequence. The order of the transition probabilities is:

AA	AC	AG	AT	CA	CC	CG	CT
GA	GC	GG	GT	TA	TC	TG	TT

A note on the identifiers used for each sequence: where possible, we have used the GenBank accession number as the identifier. For example, the sequence marked as AC07862.6_1 represents the BAC with GenBank accession number AC07862.6 and the _1 indicates an ORF within that BAC. If an identifier is of the form AF031926_1, then this indicates that it is the first entry in a GenBank record that contains multiple cds entries. GSS identifiers are drawn directly from dbGSS. Genomic contig ids are exactly those used by the Sanger Institute's sequence database. For ORFs drawn from Chromosomes I and II, the identifiers used by the Sanger Institute and The Institute for Genome Research (TIGR) were used without any modification.

Training data

The training data used to train our linear discriminant model is listed below. For each of the 106 upstream sequences used, the GenBank accession number is provided along with the length of the sequence and whether the upstream region was determined by EST mapping or RT-PCR followed by sequencing (see Methods for more details).

Non-coding regions - Training Set

AC007862.6_1 Length=412 EST mapping
0.24 0.18 0.16 0.42 0.25 0.20 0.19 0.36
0.23 0.19 0.20 0.37 0.19 0.14 0.24 0.44

AC007862.6_329 Length=391 sequenced from RT-PCR results
0.31 0.20 0.17 0.31 0.31 0.20 0.21 0.28
0.17 0.25 0.23 0.35 0.15 0.12 0.32 0.41

AC007863.14_280 Length=216 sequenced from RT-PCR results
0.15 0.30 0.24 0.30 0.19 0.28 0.28 0.25
0.18 0.22 0.08 0.51 0.11 0.21 0.29 0.39

AC007866.10_029 Length=161 sequenced from RT-PCR results
0.25 0.16 0 0.58 0.44 0.20 0.04 0.32
0.11 0.22 0 0.67 0.42 0.13 0.10 0.35

AC012647.17_195 Length=312 sequenced from RT-PCR results
0.13 0.30 0.13 0.44 0.33 0.18 0.17 0.32
0.20 0.20 0.17 0.43 0.24 0.13 0.21 0.43

AC013485.2_081 Length=107 sequenced from RT-PCR results
0 0.38 0.15 0.46 0.14 0.31 0.14 0.41
0.11 0.32 0.16 0.42 0.16 0.20 0.24 0.40

AC073906.5_1 Length=401 EST mapping
0.15 0.31 0.24 0.31 0.24 0.23 0.19 0.34
0.11 0.29 0.18 0.41 0.13 0.18 0.29 0.40

AC084046.11_1 Length=401 EST mapping
0.36 0.28 0.10 0.25 0.26 0.30 0.16 0.28
0.25 0.20 0.25 0.31 0.12 0.21 0.29 0.37

AC087327.6_1 Length=400 EST mapping
0.26 0.21 0.23 0.30 0.24 0.32 0.14 0.30
0.24 0.19 0.17 0.40 0.19 0.23 0.23 0.35

AC091526.5_1 Length=406 EST mapping
0.28 0.22 0.26 0.24 0.21 0.29 0.24 0.26
0.25 0.18 0.31 0.25 0.17 0.22 0.31 0.30

AC091701.2_137 Length=122 sequenced from RT-PCR results
0.17 0.39 0.06 0.39 0.20 0.37 0.12 0.32
0.12 0.35 0.18 0.35 0.11 0.29 0.20 0.40
AC091701.2_185 Length=178 sequenced from RT-PCR results
0.26 0.26 0.26 0.21 0.21 0.21 0.29 0.29
0.22 0.34 0.15 0.29 0.25 0.15 0.23 0.37
AC092736.2_1 Length=406 EST mapping
0.31 0.16 0.17 0.36 0.36 0.11 0.11 0.42
0.33 0.14 0.20 0.33 0.18 0.19 0.30 0.33
AC093543.2_1 Length=401 EST mapping
0.36 0.18 0.19 0.27 0.26 0.23 0.12 0.38
0.26 0.21 0.16 0.36 0.16 0.20 0.28 0.36
AC103580.3_1 Length=405 EST mapping
0.28 0.22 0.25 0.25 0.22 0.23 0.24 0.30
0.16 0.21 0.29 0.34 0.15 0.20 0.29 0.36
AF008186 Length=334 sequenced from RT-PCR results
0.35 0.27 0.14 0.24 0.39 0.21 0.18 0.22
0.25 0.18 0.20 0.38 0.17 0.19 0.23 0.41
AF011787 Length=390 sequenced from RT-PCR results
0.25 0.27 0.22 0.26 0.29 0.20 0.13 0.38
0.24 0.24 0.23 0.28 0.11 0.19 0.27 0.43
AF020696 Length=344 sequenced from RT-PCR results
0.25 0.25 0.23 0.27 0.20 0.26 0.25 0.29
0.22 0.33 0.24 0.21 0.19 0.17 0.28 0.35
AF027739 Length=240 sequenced from RT-PCR results
0.26 0.26 0.20 0.28 0.13 0.11 0.19 0.57
0.11 0.33 0.13 0.42 0.23 0.15 0.22 0.41
AF028726_0 Length=655 EST mapping
0.27 0.25 0.22 0.27 0.28 0.25 0.24 0.23
0.24 0.22 0.25 0.29 0.12 0.22 0.29 0.37
AF031926_1 Length=248 sequenced from RT-PCR results
0.18 0.33 0.12 0.36 0.20 0.23 0.14 0.43
0.15 0.26 0.19 0.40 0.08 0.18 0.24 0.50
AF031926_2 Length=385 sequenced from RT-PCR results
0.25 0.10 0.27 0.38 0.20 0.05 0.15 0.60
0.18 0.19 0.19 0.43 0.18 0.08 0.22 0.52
AF078916 Length=245 sequenced from RT-PCR results
0.32 0.21 0.27 0.21 0.28 0.26 0.12 0.35
0.24 0.13 0.27 0.36 0.22 0.13 0.23 0.42

AF079110 Length=278 sequenced from RT-PCR results
 0.39 0.21 0.13 0.26 0.26 0.17 0.14 0.44
 0.17 0.22 0.30 0.31 0.11 0.31 0.22 0.35
 AF095907_1 Length=426 EST mapping
 0.23 0.20 0.21 0.37 0.18 0.40 0.16 0.26
 0.16 0.19 0.24 0.41 0.14 0.17 0.22 0.46
 AF095907_2 Length=509 EST mapping
 0.29 0.19 0.23 0.30 0.20 0.38 0.16 0.27
 0.19 0.19 0.22 0.40 0.15 0.17 0.22 0.46
 AF119091 Length=199 sequenced from RT-PCR results
 0.33 0.16 0.19 0.32 0.38 0.23 0.05 0.35
 0.45 0.16 0.16 0.23 0.13 0.24 0.20 0.43
 AF164200_2 Length=376 EST mapping
 0.30 0.20 0.26 0.24 0.22 0.26 0.24 0.28
 0.28 0.18 0.29 0.25 0.11 0.26 0.24 0.39
 AF301417_3 Length=107 EST mapping
 0.30 0.15 0.21 0.33 0.38 0.19 0.25 0.19
 0.32 0.11 0.26 0.32 0.26 0.16 0.08 0.50
 AJ005114 Length=178 sequenced from RT-PCR results
 0.24 0.24 0.06 0.47 0.20 0.38 0.14 0.29
 0.19 0.31 0.12 0.38 0.16 0.31 0.21 0.31
 AL493679_1 Length=414 EST mapping
 0.29 0.23 0.25 0.23 0.32 0.33 0.13 0.22
 0.27 0.25 0.25 0.22 0.15 0.18 0.25 0.41
 ALLTRYP-1C06.Q1C Length=265 EST mapping
 0.22 0.22 0.24 0.31 0.23 0.19 0.24 0.34
 0.10 0.38 0.28 0.25 0.16 0.17 0.20 0.48
 AY046888 Length=1789 EST mapping
 0.28 0.19 0.17 0.36 0.37 0.15 0.13 0.35
 0.32 0.16 0.12 0.39 0.26 0.12 0.20 0.41
 AY046919_1 Length=504 EST mapping
 0.41 0.20 0.15 0.24 0.27 0.20 0.15 0.38
 0.20 0.30 0.16 0.33 0.20 0.22 0.26 0.32
 J04214 Length=181 sequenced from RT-PCR results
 0.28 0.20 0.28 0.24 0.10 0.21 0.24 0.45
 0.11 0.11 0.18 0.60 0.12 0.15 0.30 0.43
 J04841 Length=357 sequenced from RT-PCR results
 0.36 0.22 0.23 0.19 0.21 0.29 0.23 0.27
 0.24 0.14 0.26 0.36 0.21 0.19 0.23 0.37

L10721 Length=187 sequenced from RT-PCR results
 0.24 0.27 0.15 0.33 0.21 0.36 0.12 0.31
 0.10 0.27 0.20 0.43 0.15 0.31 0.20 0.34
 M20570 Length=139 sequenced from RT-PCR results
 0.24 0.20 0.16 0.40 0.23 0.32 0.16 0.29
 0.11 0.15 0.19 0.56 0.15 0.22 0.25 0.38
 M33129_1 Length=1037 EST mapping
 0.28 0.17 0.27 0.28 0.25 0.26 0.23 0.26
 0.18 0.22 0.29 0.31 0.13 0.21 0.32 0.34
 M33129_2 Length=903 EST mapping
 0.28 0.10 0.24 0.38 0.20 0.28 0.18 0.34
 0.22 0.26 0.23 0.29 0.15 0.17 0.25 0.43
 M33130_1 Length=1044 EST mapping
 0.30 0.18 0.27 0.25 0.26 0.30 0.23 0.21
 0.19 0.24 0.26 0.31 0.13 0.24 0.29 0.34
 M36124 Length=210 sequenced from RT-PCR results
 0.26 0.14 0.23 0.37 0.20 0.30 0.23 0.28
 0.26 0.17 0.30 0.26 0.15 0.16 0.17 0.51
 TRYP10.0.000001 Length=400 EST mapping
 0.31 0.22 0.24 0.24 0.25 0.24 0.29 0.23
 0.26 0.21 0.25 0.27 0.24 0.18 0.23 0.35
 TRYP10.0.000011 Length=400 EST mapping
 0.21 0.19 0.11 0.50 0.28 0.22 0.21 0.29
 0.28 0.12 0.14 0.46 0.26 0.15 0.24 0.35
 TRYP10.0.000012 Length=400 EST mapping
 0.19 0.29 0.29 0.22 0.28 0.26 0.20 0.27
 0.19 0.23 0.23 0.35 0.10 0.20 0.24 0.46
 TRYP10.0.000015 Length=400 EST mapping
 0.28 0.20 0.22 0.31 0.30 0.25 0.15 0.31
 0.22 0.22 0.30 0.26 0.20 0.22 0.37 0.20
 TRYP10.0.000026 Length=400 EST mapping
 0.33 0.25 0.17 0.26 0.27 0.19 0.22 0.32
 0.18 0.26 0.24 0.33 0.23 0.13 0.37 0.27
 TRYP10.0.000030_1 Length=400 EST mapping
 0.20 0.27 0.17 0.37 0.23 0.20 0.21 0.36
 0.18 0.28 0.23 0.31 0.13 0.19 0.28 0.39
 TRYP10.0.000030_2 Length=370 EST mapping
 0.15 0.28 0.15 0.42 0.21 0.20 0.20 0.38
 0.18 0.26 0.23 0.33 0.13 0.20 0.28 0.40

TRYP10.0.000033 Length=400 EST mapping
 0.34 0.21 0.16 0.29 0.23 0.33 0.17 0.28
 0.36 0.12 0.16 0.36 0.24 0.16 0.30 0.30
 TRYP10.0.000036 Length=400 EST mapping
 0.32 0.21 0.22 0.24 0.25 0.31 0.28 0.16
 0.23 0.27 0.27 0.23 0.18 0.32 0.18 0.32
 TRYP10.0.000037 Length=400 EST mapping
 0.45 0.23 0.12 0.20 0.41 0.16 0.20 0.23
 0.27 0.17 0.27 0.29 0.31 0.23 0.14 0.31
 TRYP10.0.000041 Length=401 EST mapping
 0.38 0.15 0.22 0.25 0.27 0.27 0.07 0.39
 0.25 0.09 0.39 0.27 0.11 0.17 0.10 0.62
 TRYP10.0.000313 Length=400 EST mapping
 0.25 0.28 0.09 0.39 0.29 0.25 0.17 0.28
 0.19 0.28 0.19 0.34 0.29 0.23 0.16 0.32
 TRYP10.0.000508 Length=400 EST mapping
 0.28 0.20 0.28 0.24 0.21 0.31 0.19 0.28
 0.25 0.24 0.20 0.31 0.12 0.27 0.23 0.38
 TRYP10.0.001820 Length=400 EST mapping
 0.17 0.31 0.23 0.28 0.24 0.24 0.19 0.33
 0.23 0.17 0.22 0.38 0.21 0.27 0.31 0.21
 TRYP10.0.003695 Length=400 EST mapping
 0.28 0.21 0.23 0.28 0.27 0.28 0.24 0.21
 0.24 0.20 0.26 0.29 0.21 0.18 0.25 0.36
 TRYP10.0.003781 Length=400 EST mapping
 0.22 0.28 0.22 0.28 0.19 0.28 0.18 0.36
 0.21 0.22 0.25 0.32 0.17 0.21 0.21 0.41
 TRYP10.0.003801 Length=400 EST mapping
 0.17 0.30 0.21 0.32 0.23 0.19 0.26 0.33
 0.08 0.37 0.14 0.41 0.09 0.19 0.42 0.31
 TRYP9.0.000625 Length=400 EST mapping
 0.31 0.22 0.13 0.34 0.33 0.19 0.19 0.30
 0.25 0.13 0.28 0.34 0.22 0.12 0.19 0.47
 TRYP9.0.000728 Length=400 EST mapping
 0.27 0.24 0.30 0.19 0.36 0.25 0.15 0.24
 0.24 0.25 0.28 0.23 0.12 0.22 0.24 0.42
 TRYP9.0.000821 Length=209 EST mapping
 0.36 0.20 0.16 0.29 0.19 0.19 0.30 0.32
 0.23 0.13 0.05 0.59 0.14 0.18 0.23 0.45

TRYP9.0.000826 Length=400 EST mapping
 0.35 0.16 0.22 0.27 0.23 0.30 0.14 0.33
 0.31 0.21 0.17 0.30 0.17 0.27 0.17 0.39
 TRYP9.0.000828 Length=400 EST mapping
 0.31 0.25 0.24 0.20 0.25 0.24 0.17 0.35
 0.27 0.26 0.20 0.27 0.13 0.27 0.16 0.44
 TRYP9.0.000836 Length=400 EST mapping
 0.32 0.20 0.18 0.31 0.28 0.24 0.15 0.33
 0.27 0.14 0.25 0.34 0.14 0.22 0.32 0.33
 TRYP9.0.000848 Length=400 EST mapping
 0.24 0.24 0.14 0.37 0.26 0.22 0.18 0.34
 0.20 0.21 0.20 0.40 0.09 0.23 0.32 0.36
 TRYP9.0.000919 Length=400 EST mapping
 0.31 0.23 0.22 0.24 0.17 0.27 0.23 0.32
 0.22 0.23 0.23 0.32 0.13 0.25 0.26 0.36
 TRYP9.0.001023 Length=400 EST mapping
 0.23 0.31 0.22 0.23 0.22 0.28 0.18 0.31
 0.18 0.32 0.23 0.27 0.19 0.20 0.25 0.35
 TRYP9.0.001024 Length=400 EST mapping
 0.14 0.30 0.24 0.32 0.22 0.29 0.25 0.25
 0.25 0.30 0.26 0.19 0.15 0.22 0.23 0.40
 TRYP9.0.002687 Length=400 EST mapping
 0.28 0.21 0.21 0.30 0.18 0.26 0.16 0.40
 0.19 0.20 0.30 0.31 0.15 0.17 0.27 0.41
 TRYP9.0.003000 Length=400 EST mapping
 0.14 0.43 0.11 0.33 0.32 0.25 0.17 0.25
 0.28 0.21 0.17 0.35 0.21 0.26 0.26 0.27
 TRYP9.0.003024 Length=400 EST mapping
 0.31 0.32 0.19 0.17 0.30 0.21 0.20 0.29
 0.20 0.22 0.28 0.31 0.27 0.18 0.21 0.34
 U10562 Length=323 sequenced from RT-PCR results
 0.47 0.17 0.16 0.21 0.47 0.17 0.12 0.24
 0.44 0.24 0.07 0.24 0.45 0.19 0.11 0.26
 U20092_2 Length=153 EST mapping
 0.05 0.33 0.14 0.48 0.10 0.29 0.19 0.43
 0.27 0.18 0.14 0.41 0.15 0.30 0.10 0.45
 U20092 Length=132 sequenced from RT-PCR results
 0.06 0.33 0.11 0.50 0.11 0.30 0.14 0.46
 0.31 0.12 0.19 0.38 0.13 0.30 0.10 0.47

U26666 Length=137 sequenced from RT-PCR results
 0.09 0.39 0.09 0.43 0.24 0.27 0.05 0.43
 0.06 0.17 0.11 0.67 0.19 0.26 0.22 0.33
 U28866 Length=223 sequenced from RT-PCR results
 0.26 0.19 0.16 0.40 0.17 0.23 0.19 0.42
 0.19 0.28 0.09 0.44 0.18 0.20 0.13 0.48
 U29199 Length=145 sequenced from RT-PCR results
 0.20 0.20 0.35 0.25 0.16 0.29 0.16 0.39
 0.14 0.27 0.24 0.35 0.11 0.14 0.29 0.46
 U43702 Length=255 sequenced from RT-PCR results
 0.17 0.17 0.15 0.51 0.17 0.33 0.10 0.39
 0.17 0.28 0.17 0.38 0.13 0.27 0.20 0.39
 U52964 Length=281 sequenced from RT-PCR results
 0.31 0.24 0.19 0.25 0.21 0.36 0.11 0.32
 0.22 0.35 0.17 0.26 0.22 0.18 0.19 0.41
 X05889_1 Length=172 EST mapping
 0.33 0.28 0.15 0.23 0.28 0.19 0.28 0.25
 0.11 0.17 0.17 0.56 0.20 0.14 0.23 0.42
 X05889_2 Length=24 EST mapping
 0 0.67 0.33 0 0 0 0 1.00
 0 0 0 1.00 0.20 0.07 0.07 0.67
 X05889_3 Length=216 EST mapping
 0.32 0.17 0.23 0.28 0.24 0.26 0.18 0.32
 0.27 0.11 0.14 0.49 0.14 0.18 0.15 0.53
 X05889_4 Length=276 EST mapping
 0.15 0.23 0.13 0.48 0.29 0.05 0.18 0.47
 0.14 0.14 0.27 0.45 0.19 0.13 0.16 0.51
 X52584_1 Length=1086 EST mapping
 0.28 0.17 0.26 0.28 0.25 0.25 0.24 0.26
 0.18 0.22 0.29 0.30 0.13 0.21 0.31 0.34
 X52584_2 Length=904 EST mapping
 0.28 0.10 0.24 0.38 0.20 0.28 0.18 0.34
 0.23 0.26 0.23 0.29 0.15 0.17 0.25 0.43
 X99951_1 Length=283 EST mapping
 0.34 0.21 0.21 0.24 0.22 0.33 0.16 0.28
 0.29 0.19 0.27 0.24 0.17 0.22 0.23 0.38
 X99951_2 Length=1154 EST mapping
 0.22 0.22 0.23 0.33 0.27 0.26 0.19 0.28
 0.21 0.22 0.21 0.35 0.19 0.19 0.23 0.38

Z54339.1 Length=145 EST mapping
0.28 0.38 0.06 0.28 0.13 0.28 0.10 0.49
0.26 0.26 0.11 0.37 0.22 0.22 0.20 0.35

Z54340.1 Length=237 EST mapping
0.18 0.41 0.16 0.25 0.27 0.27 0.23 0.23
0.22 0.10 0.21 0.47 0.12 0.13 0.33 0.43

Z96795.2 Length=126 EST mapping
0.43 0.11 0.35 0.11 0.32 0 0.32 0.37
0.34 0.20 0.31 0.14 0.28 0.28 0.12 0.32

gi.11845510_emb_AL479829_1_TA209F02P Length=311 EST mapping
0.17 0.28 0.22 0.33 0.24 0.18 0.24 0.34
0.08 0.44 0.13 0.35 0.13 0.20 0.37 0.30

gi.11846531_emb_AL480762_1_TA223D06Q Length=219 EST mapping
0.23 0.38 0.26 0.13 0.23 0.14 0.44 0.19
0.17 0.30 0.29 0.24 0.25 0.23 0.27 0.25

gi.11847700_emb_AL481105_1_TA243F09Q Length=144 EST mapping
0.12 0.35 0.24 0.29 0.16 0.26 0.21 0.37
0.12 0.27 0.15 0.46 0.10 0.24 0.16 0.50

gi.11853678_emb_AL486758_1_TA286B10Q Length=197 EST mapping
0.47 0.11 0.16 0.25 0.41 0.17 0.07 0.34
0.43 0.18 0.14 0.25 0.32 0.17 0.15 0.36

gi.11855065_emb_AL454261_1_TA35D08Q Length=200 EST mapping
0.23 0.17 0.15 0.45 0.13 0.38 0.15 0.34
0.29 0.12 0.12 0.47 0.19 0.22 0.23 0.36

gi.11855698_emb_AL455512_1_TA41G03Q Length=132 EST mapping
0.29 0.32 0.03 0.35 0.30 0.30 0.07 0.33
0.08 0.25 0.08 0.58 0.22 0.14 0.14 0.50

gi.11856123_emb_AL453946_1_TA45C06P Length=332 EST mapping
0.29 0.27 0.18 0.26 0.20 0.30 0.24 0.26
0.17 0.28 0.17 0.37 0.16 0.24 0.29 0.31

gi.11859126_emb_AL458502_1_TA69F07Q Length=158 EST mapping
0.12 0.33 0.21 0.33 0.12 0.33 0.27 0.27
0.20 0.27 0.13 0.40 0.16 0.27 0.16 0.40

gi.11868795_emb_AL492612_1_TA339F07Q Length=430 EST mapping
0.31 0.17 0.19 0.34 0.31 0.24 0.21 0.24
0.28 0.21 0.16 0.35 0.16 0.16 0.20 0.48

gi.11872246_emb_AL496323_1_TA372G07Q Length=131 EST mapping
0.15 0.25 0.15 0.45 0.15 0.44 0.17 0.24
0.14 0.19 0.19 0.48 0.17 0.29 0.15 0.40

gi.8429457.gb_AZ212557.1_AZ212557 Length=113 EST mapping
 0.26 0.21 0.26 0.26 0.22 0.25 0.16 0.38
 0.08 0.46 0.25 0.21 0.14 0.24 0.22 0.41
 gi.8431613.gb_AZ213813.1_AZ213813 Length=337 EST mapping
 0.31 0.18 0.24 0.27 0.15 0.29 0.22 0.33
 0.27 0.15 0.33 0.26 0.18 0.24 0.19 0.40
 gi.8434002.gb_AZ216202.1_AZ216202 Length=157 EST mapping
 0.16 0.40 0.08 0.36 0.16 0.28 0.19 0.37
 0.18 0.32 0.09 0.41 0.15 0.21 0.15 0.48
 gi.8434902.gb_AZ217102.1_AZ217102 Length=213 EST mapping
 0.25 0.31 0.14 0.31 0.15 0.32 0.18 0.35
 0.19 0.26 0.07 0.48 0.15 0.26 0.11 0.47
 gi.8436463.gb_AZ218663.1_AZ218663 Length=435 EST mapping
 0.38 0.11 0.23 0.28 0.22 0.27 0.21 0.30
 0.23 0.25 0.28 0.25 0.12 0.26 0.22 0.41

Coding regions - Training Set

AF008186	0.23	0.29	0.24	0.23	0.25	0.28	0.25	0.21
	0.21	0.33	0.24	0.22	0.10	0.34	0.34	0.21
AF009711_1	0.22	0.27	0.21	0.30	0.23	0.24	0.31	0.21
	0.31	0.23	0.21	0.25	0.20	0.28	0.30	0.22
AF011787	0.26	0.26	0.30	0.18	0.19	0.24	0.41	0.16
	0.26	0.41	0.14	0.18	0.15	0.23	0.37	0.25
AF012853_1	0.32	0.19	0.34	0.16	0.32	0.15	0.31	0.21
	0.36	0.27	0.21	0.16	0.19	0.24	0.34	0.24
AF020696	0.38	0.19	0.29	0.13	0.24	0.28	0.25	0.22
	0.28	0.33	0.22	0.18	0.12	0.30	0.37	0.21
AF027739	0.30	0.24	0.24	0.22	0.26	0.21	0.26	0.27
	0.23	0.20	0.26	0.32	0.14	0.24	0.36	0.27
AF028726_1	0.34	0.17	0.34	0.16	0.31	0.25	0.24	0.20
	0.47	0.33	0.12	0.08	0.07	0.31	0.38	0.24
AF031926_1	0.32	0.15	0.35	0.18	0.29	0.14	0.36	0.21
	0.26	0.19	0.26	0.29	0.16	0.18	0.38	0.28
AF031926_2	0.30	0.20	0.28	0.22	0.23	0.18	0.33	0.25
	0.26	0.21	0.31	0.23	0.14	0.20	0.35	0.31
AF042190	0.28	0.29	0.24	0.19	0.24	0.32	0.26	0.19
	0.26	0.30	0.24	0.20	0.13	0.27	0.40	0.21
AF047722_1	0.30	0.23	0.21	0.26	0.29	0.26	0.28	0.18
	0.25	0.31	0.25	0.19	0.15	0.25	0.37	0.24
AF048689_1	0.27	0.23	0.27	0.24	0.25	0.23	0.28	0.23
	0.26	0.25	0.28	0.21	0.15	0.24	0.36	0.25
AF049902_1	0.25	0.37	0.18	0.20	0.23	0.27	0.24	0.26
	0.22	0.23	0.30	0.25	0.09	0.32	0.39	0.20

AF074867_1								
0.23	0.28	0.23	0.27	0.28	0.21	0.25	0.26	
0.25	0.25	0.24	0.27	0.18	0.19	0.40	0.23	
AF078916								
0.25	0.29	0.22	0.24	0.26	0.23	0.30	0.20	
0.26	0.23	0.28	0.22	0.17	0.20	0.37	0.27	
AF079110								
0.29	0.24	0.22	0.25	0.20	0.29	0.29	0.21	
0.19	0.29	0.24	0.27	0.11	0.29	0.37	0.23	
AF095907_1								
0.26	0.27	0.25	0.23	0.31	0.21	0.25	0.23	
0.27	0.27	0.21	0.24	0.13	0.27	0.30	0.31	
AF102869								
0.26	0.29	0.25	0.20	0.28	0.22	0.26	0.25	
0.24	0.24	0.27	0.24	0.14	0.25	0.30	0.31	
AF119091								
0.31	0.24	0.21	0.24	0.32	0.25	0.23	0.20	
0.29	0.22	0.27	0.22	0.15	0.19	0.37	0.29	
AF152173_1								
0.31	0.24	0.25	0.20	0.29	0.24	0.22	0.25	
0.25	0.27	0.25	0.23	0.14	0.27	0.32	0.27	
AF152174_1								
0.26	0.25	0.33	0.17	0.26	0.17	0.34	0.24	
0.31	0.25	0.25	0.19	0.16	0.23	0.37	0.24	
AF164200_1								
0.25	0.25	0.26	0.25	0.29	0.20	0.27	0.25	
0.26	0.23	0.27	0.24	0.18	0.19	0.33	0.31	
AF164200_2								
0.35	0.22	0.25	0.19	0.26	0.25	0.27	0.22	
0.17	0.30	0.29	0.24	0.11	0.31	0.35	0.23	
AF168719_1								
0.30	0.20	0.28	0.22	0.23	0.26	0.30	0.21	
0.23	0.19	0.32	0.25	0.19	0.21	0.38	0.22	
AF169651_1								
0.25	0.22	0.26	0.26	0.26	0.23	0.28	0.22	
0.22	0.27	0.26	0.25	0.14	0.22	0.39	0.25	
AF169652_1								
0.33	0.20	0.29	0.19	0.30	0.14	0.35	0.21	
0.26	0.29	0.23	0.22	0.13	0.21	0.38	0.28	
AF169653_1								
0.28	0.25	0.24	0.22	0.25	0.18	0.26	0.30	
0.22	0.27	0.30	0.21	0.15	0.27	0.34	0.24	

AF174136_1							
0.28	0.24	0.26	0.22	0.32	0.19	0.25	0.23
0.25	0.25	0.26	0.24	0.15	0.21	0.37	0.27
AF179372_1							
0.28	0.26	0.21	0.25	0.31	0.23	0.25	0.21
0.25	0.26	0.25	0.24	0.18	0.20	0.31	0.31
AF181287_1							
0.29	0.25	0.24	0.22	0.26	0.19	0.28	0.27
0.26	0.20	0.30	0.24	0.16	0.20	0.40	0.24
AF208112_1							
0.27	0.25	0.26	0.22	0.29	0.21	0.23	0.26
0.27	0.20	0.32	0.22	0.17	0.19	0.36	0.28
AF208112_2							
0.27	0.28	0.23	0.22	0.32	0.21	0.26	0.21
0.28	0.22	0.26	0.24	0.15	0.24	0.35	0.26
AF208112_3							
0.25	0.26	0.26	0.23	0.27	0.24	0.25	0.24
0.27	0.23	0.27	0.23	0.14	0.21	0.38	0.26
AF227501_1							
0.32	0.25	0.21	0.21	0.31	0.23	0.27	0.19
0.27	0.23	0.25	0.25	0.16	0.19	0.35	0.30
AF234189_1							
0.26	0.23	0.24	0.27	0.31	0.20	0.28	0.21
0.30	0.21	0.22	0.27	0.18	0.20	0.33	0.29
AF246237_1							
0.41	0.16	0.30	0.13	0.25	0.22	0.32	0.20
0.27	0.21	0.27	0.25	0.19	0.28	0.35	0.19
AF253418_1							
0.29	0.23	0.26	0.22	0.26	0.21	0.27	0.25
0.31	0.15	0.28	0.25	0.20	0.22	0.27	0.31
AF253418_2							
0.33	0.21	0.22	0.24	0.28	0.18	0.28	0.26
0.31	0.24	0.25	0.21	0.21	0.20	0.29	0.30
AF263280_1							
0.26	0.24	0.22	0.27	0.29	0.19	0.22	0.30
0.32	0.21	0.20	0.28	0.16	0.20	0.36	0.29
AF263280_2							
0.30	0.19	0.27	0.25	0.22	0.26	0.29	0.22
0.30	0.31	0.25	0.14	0.18	0.28	0.32	0.23
AF290945_1							
0.28	0.21	0.20	0.31	0.28	0.21	0.23	0.28
0.29	0.21	0.27	0.23	0.18	0.16	0.36	0.30

AF301417_1							
0.32	0.16	0.33	0.19	0.27	0.15	0.32	0.27
0.31	0.17	0.35	0.17	0.19	0.16	0.34	0.30
AF301417_2							
0.34	0.22	0.25	0.18	0.34	0.14	0.29	0.23
0.30	0.18	0.34	0.18	0.15	0.15	0.40	0.30
AF319546_1							
0.31	0.21	0.29	0.19	0.29	0.22	0.25	0.24
0.27	0.28	0.23	0.23	0.17	0.24	0.37	0.23
AF326975_2							
0.32	0.24	0.21	0.23	0.33	0.17	0.25	0.25
0.30	0.22	0.26	0.22	0.19	0.22	0.34	0.26
AF355600_1							
0.30	0.25	0.20	0.25	0.35	0.27	0.22	0.15
0.19	0.31	0.30	0.19	0.19	0.20	0.35	0.25
AF404111_1							
0.27	0.23	0.26	0.24	0.31	0.20	0.22	0.28
0.26	0.26	0.25	0.23	0.19	0.22	0.32	0.27
AF421892_1							
0.26	0.22	0.22	0.31	0.28	0.20	0.21	0.31
0.27	0.20	0.25	0.28	0.17	0.20	0.33	0.30
AF421894_1							
0.24	0.26	0.25	0.25	0.21	0.25	0.32	0.22
0.22	0.27	0.24	0.27	0.15	0.20	0.36	0.29
AJ005114_1							
0.30	0.21	0.32	0.17	0.25	0.24	0.24	0.27
0.22	0.30	0.23	0.24	0.09	0.25	0.38	0.29
AJ131148_1							
0.24	0.27	0.24	0.24	0.27	0.26	0.29	0.18
0.24	0.26	0.27	0.22	0.18	0.18	0.33	0.31
AJ297265_1							
0.23	0.28	0.27	0.23	0.30	0.25	0.23	0.22
0.22	0.29	0.27	0.23	0.16	0.25	0.37	0.22
AJ308037_1							
0.25	0.24	0.18	0.33	0.26	0.20	0.25	0.28
0.16	0.32	0.25	0.27	0.11	0.28	0.30	0.31
AY009111_1							
0.28	0.23	0.27	0.23	0.27	0.22	0.26	0.24
0.32	0.24	0.23	0.21	0.18	0.25	0.30	0.26
AY029070_1							
0.26	0.26	0.25	0.23	0.26	0.22	0.32	0.20
0.25	0.26	0.28	0.21	0.19	0.20	0.36	0.25

AY034830_1							
0.31	0.23	0.24	0.22	0.34	0.19	0.25	0.23
0.30	0.24	0.26	0.20	0.16	0.23	0.35	0.26
AY046919_1							
0.28	0.23	0.24	0.24	0.32	0.18	0.26	0.24
0.28	0.22	0.20	0.30	0.15	0.23	0.33	0.29
AY046920_1							
0.30	0.23	0.24	0.22	0.30	0.19	0.27	0.24
0.29	0.22	0.19	0.30	0.16	0.23	0.31	0.29
AY049059_1							
0.26	0.32	0.18	0.23	0.30	0.29	0.26	0.16
0.16	0.36	0.21	0.27	0.11	0.26	0.29	0.34
J02865_1							
0.32	0.21	0.27	0.19	0.28	0.26	0.24	0.21
0.32	0.23	0.22	0.22	0.15	0.23	0.30	0.31
J03157_1							
0.27	0.27	0.23	0.22	0.31	0.22	0.27	0.20
0.26	0.26	0.25	0.24	0.19	0.25	0.32	0.23
J04124_1							
0.29	0.23	0.19	0.29	0.34	0.20	0.24	0.22
0.28	0.20	0.23	0.29	0.18	0.19	0.27	0.36
J04841							
0.27	0.27	0.23	0.22	0.31	0.22	0.27	0.20
0.26	0.25	0.25	0.23	0.19	0.25	0.33	0.24
K02836_1							
0.20	0.32	0.27	0.22	0.25	0.25	0.23	0.26
0.27	0.27	0.23	0.23	0.10	0.33	0.41	0.16
K02836_2							
0.18	0.34	0.27	0.21	0.26	0.25	0.25	0.24
0.24	0.29	0.23	0.24	0.10	0.29	0.43	0.17
L03778_1							
0.33	0.21	0.22	0.24	0.33	0.18	0.25	0.25
0.27	0.19	0.27	0.27	0.20	0.22	0.32	0.27
L10721_1							
0.33	0.26	0.19	0.22	0.23	0.20	0.31	0.26
0.26	0.23	0.25	0.26	0.16	0.18	0.41	0.26
L14477							
0.29	0.25	0.27	0.18	0.30	0.22	0.30	0.19
0.30	0.24	0.23	0.23	0.12	0.23	0.47	0.17
M14697_1							
0.25	0.29	0.25	0.20	0.26	0.22	0.30	0.22
0.28	0.27	0.26	0.19	0.12	0.28	0.41	0.20

M20570_1								
0.28	0.30	0.19	0.22	0.22	0.24	0.28	0.26	
0.26	0.31	0.23	0.19	0.15	0.19	0.40	0.26	
M26803								
0.28	0.26	0.24	0.22	0.29	0.21	0.28	0.23	
0.27	0.24	0.25	0.24	0.19	0.23	0.30	0.27	
M27163								
0.26	0.27	0.25	0.22	0.28	0.22	0.27	0.23	
0.25	0.25	0.24	0.26	0.17	0.23	0.32	0.28	
M32139_1								
0.26	0.26	0.30	0.17	0.26	0.18	0.33	0.23	
0.29	0.23	0.27	0.21	0.16	0.21	0.39	0.24	
M36124								
0.28	0.26	0.25	0.21	0.28	0.24	0.29	0.20	
0.19	0.33	0.24	0.23	0.11	0.26	0.46	0.18	
M60653_1								
0.27	0.21	0.24	0.28	0.33	0.17	0.21	0.28	
0.30	0.19	0.24	0.26	0.16	0.25	0.28	0.31	
M73769								
0.27	0.27	0.25	0.21	0.31	0.19	0.27	0.23	
0.25	0.27	0.23	0.25	0.14	0.21	0.37	0.29	
M74167_1								
0.22	0.29	0.26	0.22	0.24	0.22	0.27	0.27	
0.30	0.24	0.21	0.26	0.17	0.23	0.36	0.24	
U06644_2								
0.30	0.21	0.24	0.24	0.26	0.17	0.25	0.32	
0.33	0.15	0.28	0.24	0.12	0.19	0.43	0.25	
U10562								
0.26	0.28	0.26	0.20	0.27	0.23	0.32	0.18	
0.29	0.25	0.24	0.23	0.10	0.28	0.46	0.16	
U20092								
0.23	0.27	0.22	0.29	0.29	0.17	0.28	0.26	
0.29	0.19	0.24	0.27	0.19	0.19	0.35	0.27	
U20781								
0.31	0.21	0.21	0.27	0.25	0.28	0.25	0.22	
0.26	0.22	0.29	0.23	0.14	0.22	0.36	0.28	
U22048								
0.26	0.28	0.26	0.20	0.24	0.23	0.38	0.16	
0.25	0.24	0.30	0.21	0.14	0.24	0.36	0.26	
U24677_1								
0.31	0.23	0.25	0.21	0.41	0.15	0.22	0.22	
0.33	0.17	0.22	0.28	0.18	0.15	0.30	0.37	

U24678							
0.34	0.22	0.29	0.15	0.27	0.18	0.31	0.24
0.23	0.28	0.27	0.22	0.14	0.27	0.33	0.25
U26666							
0.34	0.25	0.16	0.24	0.29	0.24	0.20	0.27
0.33	0.19	0.24	0.23	0.11	0.27	0.36	0.27
U28866							
0.25	0.25	0.22	0.28	0.25	0.26	0.27	0.22
0.24	0.23	0.26	0.27	0.17	0.26	0.31	0.27
U29199							
0.27	0.24	0.27	0.22	0.31	0.22	0.28	0.20
0.30	0.24	0.27	0.18	0.16	0.28	0.31	0.26
U32987_1							
0.28	0.24	0.21	0.27	0.23	0.20	0.27	0.29
0.22	0.23	0.29	0.26	0.16	0.18	0.39	0.27
U43702							
0.22	0.31	0.27	0.20	0.26	0.21	0.27	0.25
0.22	0.27	0.28	0.23	0.15	0.20	0.42	0.23
U43717							
0.27	0.23	0.21	0.28	0.24	0.25	0.27	0.25
0.27	0.20	0.25	0.28	0.18	0.19	0.38	0.26
U47286							
0.30	0.25	0.27	0.18	0.25	0.26	0.30	0.19
0.23	0.34	0.19	0.24	0.13	0.29	0.38	0.20
U52964							
0.30	0.29	0.21	0.20	0.26	0.30	0.25	0.20
0.27	0.29	0.18	0.27	0.13	0.24	0.32	0.31
U68270_1							
0.30	0.28	0.23	0.19	0.34	0.23	0.25	0.18
0.15	0.35	0.29	0.21	0.09	0.33	0.32	0.26
U74470							
0.28	0.26	0.28	0.18	0.24	0.21	0.31	0.24
0.21	0.25	0.28	0.26	0.15	0.18	0.37	0.29
U96712							
0.29	0.23	0.22	0.27	0.32	0.17	0.28	0.23
0.27	0.21	0.26	0.26	0.18	0.25	0.30	0.27
X14399_1							
0.27	0.24	0.24	0.25	0.27	0.21	0.29	0.24
0.27	0.26	0.25	0.22	0.14	0.24	0.34	0.29
X53464_1							
0.30	0.21	0.26	0.23	0.24	0.18	0.25	0.33
0.32	0.17	0.29	0.21	0.13	0.21	0.41	0.25

X56511_1	0.29	0.22	0.23	0.26	0.28	0.17	0.32	0.23
	0.44	0.17	0.25	0.14	0.09	0.31	0.36	0.24
X56511_2	0.28	0.23	0.28	0.20	0.34	0.16	0.26	0.24
	0.32	0.20	0.25	0.22	0.17	0.24	0.29	0.30
X56511_3	0.32	0.21	0.31	0.16	0.26	0.22	0.29	0.24
	0.28	0.30	0.24	0.18	0.11	0.22	0.38	0.28
X60951_1	0.32	0.22	0.21	0.24	0.29	0.19	0.22	0.30
	0.27	0.25	0.24	0.24	0.19	0.18	0.30	0.33
X60951_2	0.29	0.22	0.25	0.23	0.27	0.21	0.26	0.26
	0.32	0.21	0.23	0.24	0.18	0.24	0.29	0.29
X62148	0.31	0.20	0.29	0.20	0.23	0.19	0.33	0.25
	0.30	0.18	0.33	0.19	0.19	0.16	0.35	0.30
X91142_1	0.29	0.24	0.24	0.22	0.23	0.28	0.24	0.24
	0.22	0.34	0.21	0.22	0.08	0.32	0.38	0.22
X99951_1	0.27	0.28	0.25	0.20	0.34	0.18	0.24	0.25
	0.30	0.22	0.28	0.19	0.19	0.21	0.30	0.30
Y12638_1	0.29	0.25	0.22	0.24	0.28	0.23	0.26	0.23
	0.28	0.22	0.27	0.23	0.17	0.23	0.31	0.28

Independent test data

The data used to evaluate the model was derived from 103 functionally annotated ORFs on Chromosomes I and II of *T. brucei*. The complete coding region of each ORF was used as the coding sequence and 400 nucleotides of upstream sequence was used as the representative non-coding region. For each sequence, the function assignment as predicted by Sanger Institute (for Chromosome I ORFs, signified by identifiers that start with Tb927_) or by The Institute for Genome Research (TIGR, for Chromosome II ORFs, signified by the identifier tags that start with 59.m) is listed along with the actual transition probabilities.

Non-coding regions - Independent Test Set

59.m00159 Cyclophilin	0.31	0.30	0.22	0.17	0.28	0.27	0.19	0.27
	0.20	0.25	0.18	0.37	0.17	0.18	0.29	0.37
59.m00203 NIMA/Nek Serine/threonine-protein kinase family, putative	0.40	0.19	0.20	0.21	0.44	0.19	0.15	0.23
	0.33	0.17	0.20	0.29	0.44	0.20	0.11	0.26
59.m00204 Small GTP binding protein RAB6	0.51	0.08	0.13	0.29	0.44	0.09	0.25	0.22
	0.27	0.11	0.24	0.38	0.39	0.06	0.21	0.34
59.m00209 Ribosomal RNA processing protein RRP41B	0.29	0.19	0.13	0.40	0.34	0.21	0.09	0.36
	0.11	0.20	0.23	0.45	0.29	0.20	0.19	0.32
59.m00210 Histone deacetylase, putative	0.41	0.23	0.18	0.18	0.33	0.26	0.24	0.16
	0.23	0.23	0.32	0.22	0.15	0.29	0.26	0.30
59.m00215 Exportin (tRNA), putative	0.44	0.09	0.22	0.26	0.33	0.13	0.28	0.26
	0.29	0.15	0.31	0.25	0.48	0.12	0.11	0.28
59.m00217 Phosphatidylinositol 3-kinase, putative	0.46	0.18	0.25	0.12	0.46	0.15	0.24	0.16
	0.36	0.16	0.28	0.20	0.31	0.20	0.17	0.32
59.m00235 Proteasome regulatory non-ATPase subunit 6 (RPN6)	0.47	0.20	0.20	0.13	0.30	0.21	0.25	0.24
	0.29	0.26	0.23	0.23	0.17	0.24	0.17	0.41

59.m00236 Methyltransferase	0.46	0.18	0.21	0.15	0.34	0.22	0.22	0.21
	0.28	0.14	0.31	0.27	0.23	0.22	0.16	0.38
59.m00237 Ubiquitin-conjugating enzyme E2	0.35	0.23	0.22	0.19	0.25	0.26	0.22	0.27
	0.32	0.24	0.26	0.18	0.19	0.30	0.26	0.25
59.m00238 RNA-editing complex protein MP81	0.25	0.17	0.25	0.32	0.39	0.21	0.15	0.25
	0.24	0.24	0.20	0.33	0.26	0.14	0.18	0.42
59.m00258 Histone H4	0.34	0.22	0.20	0.25	0.34	0.24	0.13	0.30
	0.26	0.34	0.13	0.27	0.11	0.33	0.16	0.40
59.m00263 Protein kinase, putative	0.26	0.16	0.28	0.31	0.19	0.29	0.22	0.29
	0.18	0.22	0.21	0.38	0.25	0.15	0.19	0.40
59.m00281 Actin-related protein, ARP2/3 complex subunit	0.17	0.21	0.11	0.50	0.22	0.23	0.16	0.39
	0.15	0.10	0.20	0.55	0.17	0.21	0.15	0.47
59.m00299 Fatty acid desaturase	0.45	0.11	0.17	0.27	0.31	0.19	0.14	0.37
	0.44	0.16	0.28	0.12	0.26	0.17	0.10	0.47
59.m00349 Transcription elongation factor S-II, putative	0.45	0.14	0.26	0.15	0.25	0.21	0.25	0.28
	0.33	0.19	0.33	0.14	0.27	0.15	0.09	0.49
59.m00353 GTP-binding elongation factor Tu family, putative	0.36	0.22	0.21	0.20	0.25	0.21	0.14	0.40
	0.32	0.19	0.17	0.32	0.17	0.27	0.16	0.40
59.m00363 Ubiquitin-conjugating enzyme, putative	0.32	0.18	0.17	0.33	0.39	0.12	0.14	0.36
	0.33	0.14	0.25	0.28	0.35	0.14	0.12	0.39
59.m00369 Translation initiation factor IF-2, putative	0.29	0.24	0.22	0.25	0.38	0.23	0.27	0.12
	0.29	0.27	0.24	0.20	0.35	0.24	0.12	0.29
59.m00379 Ribonucleoprotein F, putative	0.54	0.13	0.24	0.09	0.52	0.15	0.15	0.17
	0.48	0.09	0.24	0.19	0.29	0.08	0.16	0.48
59.m00382 Beta-ketoacyl synthase family protein	0.33	0.28	0.23	0.16	0.43	0.06	0.22	0.28
	0.19	0.15	0.32	0.34	0.27	0.13	0.32	0.28

59.m00384 MCM family protein
0.50 0.19 0.17 0.13 0.35 0.20 0.22 0.23
0.31 0.17 0.31 0.21 0.26 0.18 0.18 0.39
59.m00393 Amyloid precursor protein-binding protein 1 (APP-BP1),
putative
0.27 0.27 0.19 0.28 0.28 0.29 0.18 0.26
0.18 0.22 0.25 0.35 0.19 0.21 0.18 0.43
59.m00397 Dynein intermediate chain, putative
0.38 0.19 0.19 0.23 0.37 0.17 0.16 0.30
0.22 0.20 0.34 0.24 0.20 0.19 0.16 0.46
59.m00402 Mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative
0.48 0.13 0.18 0.21 0.32 0.15 0.23 0.30
0.24 0.14 0.24 0.37 0.17 0.18 0.25 0.41
59.m00404 Enoyl-CoA hydratase/Enoyl-CoA isomerase/3-hydroxyacyl-CoA
dehydrogenase, putative
0.23 0.27 0.21 0.28 0.28 0.16 0.30 0.26
0.22 0.18 0.21 0.38 0.14 0.15 0.27 0.44
59.m00412 Glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase
0.28 0.20 0.20 0.32 0.34 0.21 0.14 0.30
0.21 0.16 0.14 0.49 0.24 0.20 0.19 0.38
59.m00415 GTP binding protein, putative
0.33 0.23 0.09 0.35 0.45 0.21 0.13 0.22
0.23 0.15 0.23 0.39 0.25 0.25 0.20 0.30
59.m00419 Dual specificity phosphatase (MKP), putative
0.39 0.23 0.26 0.13 0.34 0.23 0.17 0.26
0.26 0.21 0.27 0.25 0.26 0.10 0.32 0.33
59.m00424 Paraflagellar rod protein, putative
0.39 0.18 0.24 0.19 0.51 0.11 0.10 0.28
0.33 0.09 0.26 0.33 0.30 0.19 0.15 0.36
59.m00428 Trypanothione synthetase
0.37 0.17 0.15 0.30 0.37 0.14 0.22 0.27
0.19 0.24 0.16 0.41 0.16 0.11 0.27 0.47
59.m00430 Endo/exonuclease Mre11, putative
0.12 0.22 0.19 0.47 0.17 0.33 0.16 0.35
0.17 0.21 0.23 0.38 0.13 0.17 0.25 0.45
59.m00445 Small nuclear ribonucleoprotein protein, putative
0.43 0.20 0.19 0.18 0.26 0.23 0.13 0.38
0.32 0.22 0.25 0.22 0.19 0.23 0.12 0.47
59.m00446 FtsJ cell division protein, putative

0.28	0.15	0.22	0.35	0.31	0.22	0.19	0.28
0.31	0.26	0.16	0.27	0.19	0.16	0.21	0.44
59.m00450	Branched-chain amino acid aminotransferase						
0.26	0.31	0.13	0.31	0.36	0.19	0.17	0.28
0.18	0.20	0.09	0.52	0.27	0.11	0.22	0.41
59.m00462	RNA-binding protein, putative						
0.53	0.14	0.23	0.09	0.33	0.22	0.25	0.20
0.31	0.13	0.36	0.19	0.31	0.19	0.13	0.37
59.m00478	Dual specificity protein phosphatase, putative						
0.14	0.19	0.27	0.41	0.25	0.17	0.25	0.32
0.10	0.23	0.17	0.50	0.17	0.09	0.30	0.43
59.m00484	Esterase, putative						
0.21	0.21	0.24	0.35	0.30	0.25	0.25	0.20
0.15	0.17	0.19	0.49	0.17	0.13	0.37	0.33
59.m00493	Acyl-CoA oxidase, putative						
0.32	0.15	0.29	0.24	0.34	0.27	0.19	0.20
0.19	0.17	0.37	0.28	0.26	0.18	0.24	0.32
59.m00494	Transcription initiation protein, putative						
0.27	0.19	0.23	0.31	0.30	0.20	0.22	0.28
0.26	0.20	0.28	0.25	0.18	0.17	0.29	0.36
59.m00496	Protein phosphatase 2C, putative						
0.34	0.14	0.28	0.24	0.25	0.17	0.23	0.35
0.35	0.17	0.26	0.23	0.25	0.18	0.23	0.34
59.m00503	Vesicle-associated membrane protein (VAMP), putative						
0.22	0.08	0.21	0.50	0.15	0.19	0.17	0.50
0.19	0.13	0.21	0.48	0.20	0.12	0.24	0.44
59.m00506	TPR-repeat protein, putative						
0.25	0.17	0.28	0.29	0.32	0.22	0.13	0.33
0.20	0.17	0.23	0.40	0.27	0.20	0.20	0.32
59.m00509	Aldo-keto reductase, putative						
0.35	0.16	0.17	0.32	0.21	0.19	0.19	0.40
0.30	0.22	0.29	0.20	0.25	0.15	0.25	0.35
59.m00512	3-oxoacyl-(acyl-carrier protein) reductase, putative						
0.37	0.19	0.21	0.24	0.27	0.24	0.19	0.29
0.24	0.23	0.24	0.28	0.17	0.14	0.32	0.38
59.m00514	Protein kinase, putative						
0.32	0.31	0.21	0.16	0.19	0.26	0.25	0.30
0.19	0.30	0.25	0.26	0.11	0.22	0.22	0.45
59.m00515	Cell cycle control protein (CWF8), putative						

0.27	0.26	0.31	0.15	0.31	0.22	0.12	0.35
0.26	0.17	0.38	0.18	0.17	0.23	0.26	0.33
59.m00516	Tubulin-tyrosine ligase, putative						
0.23	0.21	0.24	0.32	0.33	0.16	0.12	0.39
0.19	0.25	0.22	0.34	0.20	0.18	0.33	0.30
59.m00518	Dynein heavy chain, putative						
0.38	0.15	0.23	0.24	0.24	0.23	0.19	0.34
0.16	0.28	0.30	0.26	0.17	0.22	0.30	0.31
59.m00557	Adenylate kinase						
0.29	0.22	0.26	0.23	0.22	0.19	0.23	0.36
0.24	0.16	0.26	0.34	0.23	0.18	0.27	0.32
59.m00566	Tyrosyl-DNA Phosphodiesterase (Tdp1), putative						
0.34	0.15	0.17	0.33	0.30	0.25	0.23	0.22
0.27	0.12	0.21	0.40	0.26	0.18	0.12	0.45
59.m00571	Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase						
0.39	0.20	0.12	0.29	0.24	0.20	0.12	0.44
0.17	0.23	0.30	0.30	0.23	0.22	0.15	0.40
59.m00576	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D2						
0.25	0.29	0.19	0.28	0.22	0.33	0.24	0.20
0.15	0.22	0.26	0.38	0.11	0.25	0.25	0.39
59.m00589	Heat shock protein 100 (clp protein)						
0.27	0.19	0.20	0.34	0.24	0.29	0.19	0.28
0.19	0.25	0.15	0.40	0.18	0.16	0.17	0.49
59.m00591	Glycosylphosphatidylinositol-specific phospholipase C						
0.40	0.10	0.24	0.27	0.15	0.27	0.22	0.36
0.30	0.10	0.21	0.39	0.19	0.14	0.20	0.47
59.m00596	Beta prime COP protein						
0.57	0.05	0.27	0.11	0.50	0.10	0.10	0.30
0.51	0.07	0.22	0.20	0.20	0.11	0.17	0.51
59.m00600	Ribosomal protein L44						
0.33	0.13	0.15	0.38	0.35	0.24	0.14	0.27
0.27	0.22	0.18	0.33	0.27	0.14	0.14	0.45
59.m00606	Nucleoside transporter family protein						
0.34	0.10	0.14	0.42	0.51	0.09	0.04	0.36
0.25	0.15	0.09	0.51	0.27	0.11	0.16	0.45
59.m00609	Iron/ascorbate oxidoreductase family protein, putative						
0.28	0.25	0.14	0.34	0.34	0.17	0.12	0.38
0.19	0.20	0.17	0.44	0.23	0.17	0.26	0.34
Tb927.1.1000	developmentally regulated phosphoprotein 284697:285959						

forward MW:47207
 0.32 0.15 0.27 0.26 0.23 0.19 0.23 0.35
 0.37 0.17 0.18 0.28 0.20 0.19 0.24 0.37
 Tb927.1.1130 glycerol-3-phosphate dehydrogenase (FAD-dependent),
 possible 308784:310637 forward MW:66175
 0.39 0.19 0.23 0.18 0.19 0.23 0.18 0.40
 0.19 0.13 0.26 0.42 0.24 0.18 0.29 0.29
 Tb927.1.1150 zeta tubulin 312633:314075 forward MW:52705
 0.25 0.30 0.17 0.28 0.21 0.24 0.18 0.38
 0.12 0.27 0.18 0.44 0.12 0.21 0.23 0.44
 Tb927.1.1230 chaperone protein DNAJ, probable 322467:323909 forward
 MW:52354
 0.29 0.16 0.24 0.31 0.21 0.16 0.29 0.34
 0.34 0.17 0.28 0.21 0.12 0.09 0.30 0.48
 Tb927.1.1240 cytidine triphosphate synthase, probable 325093:326862
 forward MW:65213
 0.46 0.22 0.18 0.14 0.24 0.23 0.19 0.34
 0.20 0.27 0.24 0.29 0.09 0.17 0.23 0.52
 Tb927.1.1270 homocysteine S-methyltransferase, possible 329491:330792
 forward MW:48278
 0.58 0.12 0.08 0.22 0.16 0.31 0.10 0.43
 0.24 0.13 0.17 0.46 0.18 0.17 0.12 0.53
 Tb927.1.1350 kinesin heavy chain isoform 5c, probable 340589:343249
 forward MW:96582
 0.42 0.21 0.24 0.14 0.25 0.27 0.24 0.25
 0.21 0.22 0.34 0.24 0.15 0.20 0.20 0.44
 Tb927.1.1380 serine/threonine protein phosphatase 2a, probable
 348045:349766 forward MW:62616
 0.35 0.15 0.32 0.18 0.37 0.15 0.27 0.21
 0.42 0.14 0.28 0.16 0.39 0.20 0.12 0.29
 Tb927.1.1530 protein kinase, possible 380514:385742 forward MW:191481
 0.31 0.17 0.10 0.42 0.11 0.34 0.20 0.34
 0.25 0.07 0.20 0.48 0.21 0.15 0.19 0.45
 Tb927.1.1560 vesicular-fusion protein NsF, possible 394480:396657 forward
 MW:79955
 0.42 0.17 0.19 0.22 0.38 0.13 0.25 0.24
 0.24 0.21 0.28 0.27 0.15 0.13 0.25 0.48
 Tb927.1.1580 cytochrome c oxidase assembly factor, possible 398579:399484
 forward MW:33578

0.35 0.16 0.17 0.32 0.38 0.21 0.13 0.28
 0.26 0.24 0.21 0.29 0.20 0.15 0.20 0.45
 Tb927.1.1620 ATP-dependent RNA helicase, probable 407764:409983
 forward MW:81819
 0.33 0.16 0.28 0.24 0.30 0.21 0.14 0.34
 0.24 0.20 0.29 0.28 0.24 0.15 0.24 0.37
 Tb927.1.1770 glutaredoxin, possible 461717:462040 forward MW:12152
 0.42 0.18 0.18 0.22 0.36 0.16 0.16 0.32
 0.25 0.12 0.29 0.33 0.24 0.11 0.13 0.52
 Tb927.1.1930 phosphatidylinositol 3-kinase, probable 496357:505068
 forward MW:324220
 0.31 0.20 0.35 0.14 0.35 0.23 0.27 0.15
 0.26 0.20 0.30 0.24 0.33 0.17 0.20 0.30
 Tb927.1.1960 DNAJ-like protein, possible 508843:510819 forward
 MW:75712
 0.46 0.16 0.18 0.20 0.50 0.13 0.19 0.18
 0.38 0.16 0.23 0.22 0.32 0.22 0.14 0.31
 Tb927.1.2100 calpain-like protein, probable 526387:529827 forward
 MW:126155
 0.24 0.13 0.22 0.40 0.25 0.23 0.21 0.32
 0.21 0.25 0.23 0.32 0.22 0.14 0.29 0.35
 Tb927.1.2330 beta tubulin 565286:566614 forward MW:49704
 0.31 0.19 0.13 0.37 0.22 0.26 0.11 0.42
 0.23 0.15 0.13 0.48 0.19 0.27 0.14 0.40
 Tb927.1.2340 alpha tubulin 567246:568601 forward MW:49787
 0.24 0.32 0.18 0.27 0.29 0.23 0.13 0.35
 0.20 0.19 0.19 0.43 0.23 0.27 0.25 0.25
 Tb927.1.2430 histone H3, probable 586961:587701 forward MW:27684
 0.31 0.28 0.16 0.24 0.32 0.26 0.16 0.25
 0.29 0.24 0.25 0.22 0.22 0.27 0.28 0.23
 Tb927.1.2570 beta-coP coatomer beta subunit
 0.23 0.17 0.32 0.28 0.17 0.35 0.09 0.39
 0.32 0.07 0.33 0.29 0.13 0.15 0.25 0.47
 Tb927.1.2600 RNA-binding regulatory protein (pumilio family), possible
 604834:606837 forward MW:74066
 0.45 0.15 0.26 0.14 0.39 0.17 0.23 0.21
 0.37 0.19 0.24 0.19 0.45 0.15 0.17 0.23
 Tb927.1.2670 axoneme central apparatus protein, possible 613733:615274
 forward MW:56126

0.50 0.09 0.29 0.13 0.51 0.10 0.15 0.23
 0.48 0.11 0.22 0.19 0.30 0.11 0.13 0.45
 Tb927.1.2820 pteridine transporter, possible 636083:638041 reverse
 MW:70809
 0.27 0.21 0.20 0.33 0.20 0.18 0.23 0.39
 0.22 0.17 0.20 0.42 0.16 0.14 0.37 0.33
 Tb927.1.3000 aminoacylase, probable 661811:663019 forward MW:42938
 0.35 0.19 0.31 0.15 0.30 0.23 0.26 0.21
 0.31 0.24 0.24 0.21 0.14 0.27 0.29 0.30
 Tb927.1.3030 MP48, TbREL2 targeted to the mitochondrion by the first 17
 amino TBMP48 (RNA editing ligase)
 0.28 0.33 0.25 0.14 0.19 0.29 0.23 0.29
 0.17 0.28 0.34 0.21 0.12 0.31 0.25 0.33
 Tb927.1.3110 soluble N-ethylmaleimide sensitive factor (NSF) attachment
 protein, possible 672570:673415 forward MW:32136
 0.28 0.31 0.18 0.23 0.33 0.26 0.18 0.22
 0.19 0.22 0.23 0.36 0.25 0.19 0.25 0.31
 Tb927.1.3120 separin (C50 family cysteine protease), probable
 673957:677436 forward MW:126338
 0.30 0.26 0.21 0.22 0.21 0.38 0.14 0.27
 0.27 0.31 0.12 0.30 0.16 0.25 0.16 0.43
 Tb927.1.3200 phosphatase-like protein, possible 684959:685624 forward
 MW:24493
 0.39 0.20 0.23 0.18 0.30 0.20 0.17 0.33
 0.21 0.32 0.24 0.24 0.24 0.21 0.14 0.41
 Tb927.1.3230 cell division cycle protein, possible 689122:691269 forward
 MW:77315
 0.29 0.21 0.31 0.18 0.24 0.30 0.17 0.29
 0.26 0.33 0.19 0.22 0.24 0.24 0.22 0.29
 Tb927.1.3300 Zinc-binding phosphatase, possible 712788:715406 forward
 MW:97545
 0.37 0.30 0.14 0.18 0.34 0.24 0.16 0.26
 0.16 0.21 0.32 0.31 0.17 0.22 0.21 0.41
 Tb927.1.3820 ATP synthase subunit, probable 810552:810953 forward
 MW:14198
 0.20 0.27 0.28 0.26 0.24 0.20 0.23 0.33
 0.24 0.28 0.16 0.32 0.16 0.20 0.29 0.34
 Tb927.1.3830 glucose-6-phosphate isomerase, glycosomal 811223:813046
 forward MW:67615

0.37 0.19 0.20 0.24 0.37 0.20 0.14 0.29
 0.37 0.18 0.22 0.22 0.20 0.20 0.18 0.41
 Tb927.1.3950 alanine aminotransferase, probable 835486:837195 forward
 MW:63138
 0.16 0.33 0.14 0.37 0.24 0.28 0.20 0.28
 0.16 0.38 0.13 0.33 0.18 0.22 0.33 0.27
 Tb927.1.4050 Ser/Thr protein phosphatase, probable 851315:854092
 forward MW:105755
 0.35 0.21 0.25 0.19 0.24 0.21 0.15 0.40
 0.34 0.10 0.29 0.27 0.25 0.25 0.12 0.38
 Tb927.1.4100 cytochrome C oxidase subunit IV, possible 856611:857672
 forward MW:40534
 0.41 0.18 0.21 0.19 0.39 0.15 0.20 0.25
 0.30 0.20 0.25 0.25 0.33 0.26 0.15 0.26
 Tb927.1.4420 ABC transporter, possible 907128:909965 forward
 MW:104678
 0.31 0.26 0.17 0.26 0.31 0.20 0.21 0.29
 0.21 0.20 0.22 0.38 0.21 0.21 0.23 0.35
 Tb927.1.4490 acetyltransferase, possible 923662:924180 forward MW:19682
 0.37 0.15 0.20 0.29 0.32 0.17 0.12 0.39
 0.19 0.24 0.20 0.37 0.17 0.21 0.21 0.40
 Tb927.1.4690 arginine N-methyltransferase, probable 958990:960027
 forward MW:39206
 0.43 0.13 0.17 0.28 0.35 0.17 0.23 0.25
 0.29 0.28 0.20 0.24 0.32 0.14 0.23 0.32
 Tb927.1.4830 phospholipase A1, possible 981522:982424 forward MW:32404
 0.34 0.12 0.21 0.33 0.35 0.21 0.13 0.31
 0.27 0.17 0.20 0.36 0.21 0.23 0.13 0.43
 Tb927.1.540 DNA-directed RNA polymerase III, probable 199222:202611
 reverse MW:126584
 0.25 0.24 0.21 0.30 0.29 0.09 0.26 0.35
 0.30 0.23 0.19 0.28 0.28 0.11 0.23 0.38
 Tb927.1.600 phosphate-repressible phosphate permease, possible
 210968:212515 reverse MW:54701
 0.39 0.20 0.17 0.24 0.39 0.19 0.17 0.25
 0.36 0.27 0.14 0.23 0.34 0.17 0.15 0.35
 Tb927.1.630 anti-silencing protein ASF 1 like protein, possible
 214372:214887 reverse MW:19121
 0.33 0.26 0.21 0.19 0.41 0.15 0.23 0.22
 0.28 0.25 0.19 0.28 0.22 0.12 0.17 0.48

Tb927.1_710 cPGK major cytosolic enzyme; expressed phosphoglycerate kinase

0.38	0.16	0.16	0.30	0.29	0.21	0.18	0.32
0.27	0.13	0.20	0.40	0.19	0.17	0.17	0.47

Tb927.1_870 deoxyhypusine synthase, possible 257356:258384 reverse MW:37378

0.28	0.20	0.30	0.23	0.30	0.23	0.23	0.24
0.15	0.26	0.28	0.30	0.12	0.18	0.29	0.41

Coding regions - Independent Test Set

59.m00159 Cyclophilin	0.30	0.19	0.25	0.25	0.38	0.24	0.21	0.17
	0.25	0.21	0.32	0.21	0.12	0.28	0.31	0.29
59.m00203 NIMA/Nek Serine/threonine-protein kinase family, putative	0.29	0.21	0.24	0.26	0.34	0.19	0.28	0.18
	0.29	0.25	0.25	0.22	0.17	0.23	0.32	0.28
59.m00204 Small GTP binding protein RAB6	0.36	0.22	0.20	0.21	0.34	0.16	0.33	0.18
	0.24	0.22	0.32	0.22	0.17	0.20	0.31	0.32
59.m00209 Ribosomal RNA processing protein RRP41B	0.26	0.24	0.24	0.26	0.29	0.20	0.34	0.17
	0.22	0.27	0.27	0.23	0.12	0.24	0.33	0.31
59.m00210 Histone deacetylase, putative	0.31	0.22	0.24	0.22	0.27	0.23	0.28	0.23
	0.29	0.23	0.25	0.22	0.15	0.23	0.38	0.24
59.m00215 Exportin (tRNA), putative	0.24	0.25	0.26	0.25	0.31	0.18	0.26	0.25
	0.23	0.31	0.22	0.25	0.18	0.24	0.32	0.26
59.m00217 Phosphatidylinositol 3-kinase, putative	0.25	0.27	0.27	0.21	0.30	0.21	0.25	0.24
	0.23	0.30	0.24	0.24	0.14	0.24	0.34	0.28
59.m00235 Proteasome regulatory non-ATPase subunit 6 (RPN6)	0.27	0.21	0.31	0.21	0.30	0.15	0.29	0.26
	0.30	0.32	0.23	0.15	0.13	0.25	0.36	0.25
59.m00236 Methyltransferase	0.27	0.23	0.25	0.25	0.28	0.20	0.33	0.19
	0.25	0.31	0.21	0.23	0.18	0.22	0.37	0.22
59.m00237 Ubiquitin-conjugating enzyme E2	0.31	0.25	0.29	0.15	0.27	0.26	0.25	0.21
	0.24	0.27	0.29	0.20	0.20	0.24	0.28	0.28
59.m00238 RNA-editing complex protein MP81	0.31	0.25	0.27	0.18	0.29	0.25	0.27	0.19
	0.24	0.29	0.26	0.21	0.15	0.25	0.36	0.25
59.m00258 Histone H4	0.35	0.23	0.26	0.16	0.28	0.20	0.39	0.13
	0.20	0.28	0.30	0.22	0.14	0.30	0.32	0.23
59.m00263 Protein kinase, putative								

0.26	0.22	0.26	0.25	0.29	0.24	0.26	0.22
0.24	0.23	0.28	0.25	0.16	0.25	0.34	0.25
59.m00281	Actin-related protein, ARP2/3 complex subunit						
0.30	0.21	0.23	0.26	0.34	0.17	0.24	0.25
0.35	0.23	0.21	0.21	0.23	0.20	0.25	0.32
59.m00299	Fatty acid desaturase						
0.20	0.23	0.22	0.36	0.34	0.20	0.22	0.24
0.20	0.26	0.26	0.28	0.16	0.21	0.32	0.31
59.m00349	Transcription elongation factor S-II, putative						
0.35	0.23	0.27	0.16	0.33	0.19	0.27	0.21
0.30	0.23	0.30	0.17	0.19	0.23	0.30	0.28
59.m00353	GTP-binding elongation factor Tu family, putative						
0.31	0.21	0.27	0.21	0.32	0.19	0.27	0.21
0.24	0.24	0.26	0.26	0.17	0.23	0.33	0.27
59.m00363	Ubiquitin-conjugating enzyme, putative						
0.31	0.15	0.24	0.30	0.41	0.18	0.22	0.18
0.29	0.24	0.31	0.16	0.16	0.22	0.34	0.28
59.m00369	Translation initiation factor IF-2, putative						
0.32	0.20	0.27	0.21	0.30	0.20	0.30	0.19
0.32	0.23	0.25	0.19	0.15	0.25	0.33	0.27
59.m00379	Ribonucleoprotein F, putative						
0.25	0.20	0.26	0.29	0.33	0.25	0.26	0.16
0.25	0.26	0.28	0.21	0.15	0.24	0.31	0.29
59.m00382	Beta-ketoacyl synthase family protein						
0.22	0.28	0.23	0.27	0.28	0.22	0.29	0.21
0.19	0.29	0.26	0.26	0.12	0.24	0.35	0.29
59.m00384	MCM family protein						
0.26	0.26	0.24	0.23	0.30	0.20	0.26	0.24
0.23	0.27	0.28	0.22	0.17	0.23	0.31	0.28
59.m00393	Amyloid precursor protein-binding protein 1 (APP-BP1), putative						
0.25	0.24	0.23	0.28	0.26	0.21	0.27	0.27
0.26	0.24	0.25	0.25	0.19	0.18	0.35	0.28
59.m00397	Dynein intermediate chain, putative						
0.29	0.24	0.27	0.20	0.28	0.21	0.29	0.21
0.27	0.24	0.25	0.25	0.15	0.29	0.34	0.22
59.m00402	Mitochondrial processing peptidase alpha subunit, putative						
0.31	0.24	0.22	0.24	0.33	0.20	0.24	0.22
0.25	0.25	0.25	0.25	0.20	0.21	0.32	0.28

59.m00404 Enoyl-CoA hydratase/Enoyl-CoA isomerase/3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, putative
0.23 0.22 0.26 0.29 0.30 0.22 0.26 0.22
0.24 0.25 0.26 0.25 0.15 0.20 0.33 0.32

59.m00412 Glycosomal phosphoenolpyruvate carboxykinase
0.29 0.30 0.21 0.21 0.22 0.25 0.29 0.25
0.28 0.30 0.23 0.19 0.14 0.20 0.39 0.27

59.m00415 GTP binding protein, putative
0.30 0.21 0.21 0.27 0.29 0.18 0.27 0.26
0.27 0.31 0.25 0.17 0.17 0.21 0.35 0.27

59.m00419 Dual specificity phosphatase (MKP), putative
0.27 0.21 0.26 0.25 0.27 0.24 0.26 0.24
0.26 0.27 0.25 0.23 0.18 0.24 0.31 0.27

59.m00424 Paraflagellar rod protein, putative
0.31 0.22 0.26 0.22 0.32 0.16 0.26 0.25
0.32 0.26 0.21 0.21 0.19 0.26 0.29 0.26

59.m00428 Trypanothione synthetase
0.29 0.25 0.24 0.23 0.30 0.21 0.27 0.22
0.28 0.22 0.27 0.23 0.15 0.21 0.32 0.31

59.m00430 Endo/exonuclease Mre11, putative
0.27 0.22 0.24 0.26 0.28 0.26 0.25 0.21
0.28 0.22 0.27 0.23 0.14 0.25 0.34 0.27

59.m00445 Small nuclear ribonucleoprotein protein, putative
0.33 0.23 0.25 0.20 0.37 0.14 0.26 0.23
0.34 0.23 0.24 0.20 0.19 0.17 0.40 0.24

59.m00446 FtsJ cell division protein, putative
0.31 0.22 0.29 0.18 0.28 0.21 0.31 0.20
0.31 0.24 0.23 0.22 0.16 0.20 0.38 0.26

59.m00450 Branched-chain amino acid aminotransferase
0.25 0.27 0.23 0.26 0.25 0.21 0.23 0.31
0.24 0.27 0.27 0.23 0.13 0.20 0.39 0.27

59.m00462 RNA-binding protein, putative
0.26 0.28 0.26 0.19 0.24 0.23 0.38 0.16
0.26 0.23 0.30 0.21 0.14 0.24 0.36 0.25

59.m00478 Dual specificity protein phosphatase, putative
0.27 0.18 0.23 0.32 0.30 0.23 0.24 0.24
0.21 0.28 0.24 0.26 0.18 0.19 0.33 0.31

59.m00484 Esterase, putative

0.27	0.29	0.20	0.24	0.27	0.22	0.29	0.22
0.25	0.22	0.24	0.29	0.12	0.23	0.35	0.30
59.m00493 Acyl-CoA oxidase, putative							
0.28	0.25	0.24	0.23	0.26	0.25	0.25	0.24
0.25	0.26	0.27	0.22	0.14	0.22	0.32	0.32
59.m00494 Transcription initiation protein, putative							
0.29	0.22	0.26	0.23	0.25	0.21	0.30	0.25
0.27	0.22	0.26	0.24	0.18	0.24	0.33	0.25
59.m00496 Protein phosphatase 2C, putative							
0.27	0.15	0.26	0.31	0.26	0.18	0.29	0.27
0.28	0.23	0.27	0.21	0.19	0.21	0.29	0.31
59.m00503 Vesicle-associated membrane protein (VAMP), putative							
0.32	0.17	0.20	0.31	0.31	0.14	0.28	0.28
0.24	0.22	0.18	0.35	0.19	0.17	0.28	0.36
59.m00506 TPR-repeat protein, putative							
0.31	0.21	0.32	0.16	0.28	0.22	0.25	0.25
0.35	0.20	0.23	0.22	0.16	0.18	0.36	0.30
59.m00509 Aldo-keto reductase, putative							
0.27	0.28	0.22	0.23	0.25	0.24	0.23	0.28
0.26	0.24	0.29	0.21	0.18	0.24	0.35	0.23
59.m00512 3-oxoacyl-(acyl-carrier protein) reductase, putative							
0.25	0.25	0.27	0.23	0.31	0.17	0.30	0.22
0.17	0.25	0.29	0.28	0.14	0.25	0.37	0.23
59.m00514 Protein kinase, putative							
0.26	0.25	0.28	0.21	0.26	0.27	0.26	0.20
0.22	0.24	0.28	0.25	0.20	0.21	0.34	0.24
59.m00515 Cell cycle control protein (CWF8), putative							
0.22	0.28	0.29	0.21	0.31	0.16	0.31	0.22
0.20	0.26	0.29	0.24	0.13	0.22	0.40	0.25
59.m00516 Tubulin-tyrosine ligase, putative							
0.23	0.23	0.31	0.23	0.26	0.21	0.32	0.21
0.28	0.24	0.25	0.23	0.17	0.22	0.33	0.28
59.m00518 Dynein heavy chain, putative							
0.28	0.24	0.27	0.21	0.28	0.20	0.26	0.25
0.29	0.26	0.24	0.22	0.17	0.23	0.33	0.26
59.m00557 Adenylate kinase							
0.27	0.21	0.27	0.25	0.29	0.23	0.31	0.17
0.25	0.31	0.25	0.19	0.16	0.23	0.36	0.25
59.m00566 Tyrosyl-DNA Phosphodiesterase (Tdp1), putative							

0.30	0.21	0.23	0.26	0.24	0.23	0.26	0.27
0.26	0.21	0.30	0.24	0.21	0.22	0.30	0.26
59.m00571 Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase							
0.26	0.25	0.20	0.29	0.27	0.21	0.33	0.19
0.19	0.25	0.28	0.28	0.18	0.16	0.41	0.24
59.m00576 Small nuclear ribonucleoprotein Sm D2							
0.33	0.24	0.27	0.16	0.28	0.23	0.28	0.22
0.24	0.25	0.18	0.34	0.09	0.33	0.36	0.23
59.m00589 Heat shock protein 100 (clp protein)							
0.27	0.25	0.25	0.23	0.28	0.20	0.30	0.23
0.29	0.25	0.24	0.21	0.11	0.21	0.40	0.27
59.m00591 Glycosylphosphatidylinositol-specific phospholipase C							
0.29	0.23	0.19	0.29	0.34	0.21	0.24	0.21
0.28	0.21	0.23	0.29	0.18	0.18	0.28	0.36
59.m00596 Beta prime COP protein							
0.27	0.25	0.20	0.28	0.30	0.19	0.28	0.23
0.25	0.21	0.28	0.26	0.15	0.17	0.36	0.32
59.m00600 Ribosomal protein L44							
0.46	0.17	0.23	0.14	0.39	0.21	0.19	0.21
0.30	0.26	0.18	0.27	0.21	0.15	0.32	0.32
59.m00606 Nucleoside transporter family protein							
0.25	0.17	0.19	0.39	0.30	0.21	0.16	0.34
0.25	0.23	0.25	0.27	0.13	0.19	0.32	0.36
59.m00609 Iron/ascorbate oxidoreductase family protein, putative							
0.28	0.20	0.23	0.29	0.28	0.28	0.20	0.24
0.29	0.23	0.29	0.19	0.16	0.20	0.32	0.31
Tb927.1.1000 developmentally regulated phosphoprotein 284697:285959							
forward MW:47207							
0.28	0.21	0.25	0.26	0.33	0.19	0.21	0.28
0.30	0.20	0.24	0.27	0.15	0.25	0.29	0.30
Tb927.1.1130 glycerol-3-phosphate dehydrogenase (FAD-dependent),							
possible 308784:310637 forward MW:66175							
0.22	0.26	0.28	0.24	0.25	0.19	0.30	0.26
0.21	0.28	0.25	0.26	0.14	0.23	0.36	0.28
Tb927.1.1150 zeta tubulin 312633:314075 forward MW:52705							
0.26	0.26	0.25	0.23	0.26	0.19	0.26	0.28
0.25	0.25	0.25	0.25	0.14	0.25	0.35	0.27
Tb927.1.1230 chaperone protein DNAJ, probable 322467:323909 forward							
MW:52354							

0.27 0.26 0.21 0.27 0.28 0.21 0.27 0.24
 0.20 0.28 0.27 0.26 0.17 0.23 0.35 0.25
 Tb927.1.1240 cytidine triphosphate synthase, probable 325093:326862
 forward MW:65213
 0.29 0.23 0.24 0.25 0.31 0.21 0.23 0.24
 0.25 0.23 0.24 0.28 0.16 0.19 0.35 0.30
 Tb927.1.1270 homocysteine S-methyltransferase, possible 329491:330792
 forward MW:48278
 0.33 0.19 0.17 0.31 0.34 0.19 0.25 0.23
 0.28 0.19 0.30 0.23 0.17 0.18 0.32 0.33
 Tb927.1.1350 kinesin heavy chain isoform 5c, probable 340589:343249
 forward MW:96582
 0.28 0.24 0.27 0.22 0.32 0.21 0.27 0.20
 0.27 0.24 0.25 0.25 0.17 0.21 0.34 0.28
 Tb927.1.1380 serine/threonine protein phosphatase 2a, probable
 348045:349766 forward MW:62616
 0.24 0.24 0.28 0.23 0.26 0.20 0.28 0.26
 0.23 0.30 0.22 0.26 0.16 0.21 0.37 0.26
 Tb927.1.1530 protein kinase, possible 380514:385742 forward MW:191481
 0.30 0.21 0.25 0.25 0.32 0.19 0.26 0.22
 0.28 0.22 0.25 0.25 0.18 0.20 0.32 0.30
 Tb927.1.1560 vesicular-fusion protein NsF, possible 394480:396657 forward
 MW:79955
 0.34 0.19 0.22 0.25 0.33 0.20 0.25 0.23
 0.26 0.23 0.25 0.26 0.16 0.20 0.36 0.28
 Tb927.1.1580 cytochrome c oxidase assembly factor, possible 398579:399484
 forward MW:33578
 0.28 0.22 0.23 0.27 0.26 0.17 0.33 0.24
 0.29 0.19 0.30 0.22 0.15 0.22 0.30 0.33
 Tb927.1.1620 ATP-dependent RNA helicase, probable 407764:409983
 forward MW:81819
 0.30 0.25 0.24 0.21 0.27 0.21 0.27 0.25
 0.26 0.22 0.29 0.23 0.16 0.25 0.34 0.25
 Tb927.1.1770 glutaredoxin, possible 461717:462040 forward MW:12152
 0.36 0.22 0.13 0.29 0.36 0.20 0.26 0.18
 0.23 0.20 0.28 0.29 0.15 0.14 0.35 0.35
 Tb927.1.1930 phosphatidylinositol 3-kinase, probable 496357:505068
 forward MW:324220
 0.26 0.26 0.26 0.22 0.31 0.21 0.27 0.22
 0.24 0.28 0.24 0.24 0.18 0.24 0.34 0.24

Tb927.1.1960 DNAJ-like protein, possible 508843:510819 forward
MW:75712
0.33 0.23 0.29 0.16 0.29 0.20 0.34 0.18
0.32 0.25 0.26 0.16 0.17 0.20 0.36 0.27

Tb927.1.2100 calpain-like protein, probable 526387:529827 forward
MW:126155
0.31 0.19 0.29 0.22 0.29 0.26 0.22 0.23
0.30 0.25 0.26 0.19 0.13 0.27 0.40 0.19

Tb927.1.2330 beta tubulin 565286:566614 forward MW:49704
0.20 0.32 0.27 0.22 0.26 0.25 0.23 0.26
0.27 0.27 0.23 0.23 0.10 0.33 0.42 0.16

Tb927.1.2340 alpha tubulin 567246:568601 forward MW:49787
0.18 0.34 0.27 0.21 0.26 0.24 0.25 0.25
0.24 0.29 0.23 0.24 0.10 0.30 0.43 0.17

Tb927.1.2430 histone H3, probable 586961:587701 forward MW:27684
0.32 0.29 0.20 0.18 0.27 0.30 0.15 0.27
0.22 0.38 0.19 0.21 0.13 0.31 0.22 0.34

Tb927.1.2570 beta-coP coatomer beta subunit
0.28 0.22 0.25 0.24 0.31 0.18 0.28 0.23
0.28 0.23 0.24 0.25 0.16 0.22 0.34 0.27

Tb927.1.2600 RNA-binding regulatory protein (pumilio family), possible
604834:606837 forward MW:74066
0.25 0.29 0.23 0.22 0.34 0.27 0.23 0.17
0.22 0.40 0.19 0.20 0.17 0.28 0.34 0.22

Tb927.1.2670 axoneme central apparatus protein, possible 613733:615274
forward MW:56126
0.29 0.24 0.25 0.23 0.37 0.19 0.24 0.19
0.20 0.31 0.25 0.23 0.17 0.21 0.33 0.29

Tb927.1.2820 pteridine transporter, possible 636083:638041 reverse
MW:70809
0.22 0.24 0.25 0.29 0.23 0.23 0.24 0.31
0.21 0.23 0.28 0.28 0.11 0.26 0.36 0.27

Tb927.1.3000 aminoacylase, probable 661811:663019 forward MW:42938
0.26 0.25 0.26 0.23 0.33 0.21 0.25 0.22
0.21 0.27 0.27 0.25 0.19 0.20 0.38 0.22

Tb927.1.3030 MP48, TbREL2 targeted to the mitochondrion by the first 17
amino TBMP48 (RNA editing ligase)
0.28 0.23 0.27 0.23 0.27 0.22 0.26 0.24
0.32 0.24 0.23 0.20 0.18 0.25 0.30 0.26

Tb927.1.3110 soluble N-ethylmaleimide sensitive factor (NSF) attachment

protein, possible 672570:673415 forward MW:32136
 0.31 0.23 0.29 0.16 0.23 0.16 0.37 0.24
 0.34 0.29 0.20 0.17 0.20 0.19 0.37 0.25
 Tb927.1.3120 separin (C50 family cysteine protease), probable
 673957:677436 forward MW:126338
 0.25 0.26 0.26 0.23 0.27 0.20 0.28 0.24
 0.22 0.29 0.27 0.22 0.12 0.25 0.36 0.26
 Tb927.1.3200 phosphatase-like protein, possible 684959:685624 forward
 MW:24493
 0.32 0.30 0.25 0.13 0.26 0.30 0.28 0.16
 0.29 0.29 0.23 0.19 0.14 0.27 0.36 0.23
 Tb927.1.3230 cell division cycle protein, possible 689122:691269 forward
 MW:77315
 0.23 0.28 0.29 0.21 0.25 0.24 0.27 0.24
 0.23 0.27 0.27 0.23 0.13 0.24 0.40 0.24
 Tb927.1.3300 Zinc-binding phosphatase, possible 712788:715406 forward
 MW:97545
 0.30 0.24 0.24 0.22 0.31 0.22 0.27 0.20
 0.23 0.28 0.26 0.22 0.16 0.21 0.35 0.28
 Tb927.1.3820 ATP synthase subunit, probable 810552:810953 forward
 MW:14198
 0.30 0.23 0.22 0.25 0.37 0.17 0.23 0.23
 0.27 0.24 0.30 0.19 0.24 0.28 0.27 0.21
 Tb927.1.3830 glucose-6-phosphate isomerase, glycosomal 811223:813046
 forward MW:67615
 0.30 0.22 0.23 0.25 0.32 0.21 0.23 0.24
 0.27 0.22 0.30 0.22 0.15 0.24 0.28 0.32
 Tb927.1.3950 alanine aminotransferase, probable 835486:837195 forward
 MW:63138
 0.26 0.28 0.26 0.21 0.26 0.24 0.29 0.21
 0.25 0.28 0.23 0.23 0.16 0.22 0.35 0.28
 Tb927.1.4050 Ser/Thr protein phosphatase, probable 851315:854092
 forward MW:105755
 0.24 0.25 0.26 0.25 0.28 0.21 0.26 0.25
 0.25 0.26 0.26 0.23 0.15 0.27 0.32 0.25
 Tb927.1.4100 cytochrome C oxidase subunit IV, possible 856611:857672
 forward MW:40534
 0.24 0.25 0.26 0.25 0.28 0.20 0.32 0.20
 0.30 0.30 0.21 0.20 0.15 0.22 0.40 0.24
 Tb927.1.4420 ABC transporter, possible 907128:909965 forward

MW:104678
 0.21 0.31 0.26 0.22 0.25 0.20 0.30 0.25
 0.23 0.25 0.27 0.25 0.16 0.20 0.36 0.28
 Tb927.1.4490 acetyltransferase, possible 923662:924180 forward MW:19682
 0.36 0.19 0.20 0.26 0.25 0.23 0.33 0.19
 0.30 0.23 0.28 0.20 0.15 0.25 0.30 0.30
 Tb927.1.4690 arginine N-methyltransferase, probable 958990:960027
 forward MW:39206
 0.25 0.24 0.19 0.32 0.34 0.19 0.24 0.23
 0.28 0.24 0.26 0.22 0.19 0.16 0.29 0.36
 Tb927.1.4830 phospholipase A1, possible 981522:982424 forward MW:32404
 0.34 0.17 0.18 0.30 0.33 0.19 0.23 0.25
 0.25 0.24 0.24 0.27 0.14 0.20 0.28 0.39
 Tb927.1.540 DNA-directed RNA polymerase III, probable 199222:202611
 reverse MW:126584
 0.29 0.21 0.23 0.27 0.31 0.23 0.25 0.22
 0.26 0.23 0.27 0.25 0.18 0.21 0.31 0.30
 Tb927.1.600 phosphate-repressible phosphate permease, possible
 210968:212515 reverse MW:54701
 0.23 0.21 0.18 0.38 0.25 0.23 0.24 0.28
 0.21 0.25 0.25 0.29 0.15 0.20 0.36 0.28
 Tb927.1.630 anti-silencing protein ASF 1 like protein, possible
 214372:214887 reverse MW:19121
 0.20 0.29 0.26 0.26 0.33 0.24 0.22 0.21
 0.30 0.20 0.30 0.20 0.20 0.20 0.32 0.28
 Tb927.1.710 cPGK major cytosolic enzyme; expressed phosphoglycerate
 kinase
 0.31 0.17 0.26 0.27 0.31 0.20 0.23 0.25
 0.29 0.23 0.26 0.22 0.15 0.24 0.34 0.27
 Tb927.1.870 deoxyhypusine synthase, possible 257356:258384 reverse
 MW:37378
 0.27 0.24 0.19 0.29 0.27 0.20 0.28 0.25
 0.25 0.23 0.29 0.24 0.16 0.18 0.36 0.31

2 Primer Sequences

We had two sets of primers: those used for data generation by RT-PCR and subsequent sequencing (for sequences that yielded data for the training set) and primers used to test predictions on Chromosome I. For each primer, the sequence is listed in the 5' to 3' direction. All reactions used a common 5' primer derived from the spliced leader sequence:

TAGAACAGTTTCTGTACTATATTG

Primers for Data Generation

The primers used for generating upstream regions by RT-PCR and subsequent sequencing are listed below. Each 3' primer contains a T7 specific primer to facilitate sequencing.

AC007862.6_329 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCCACACAAAGTTCCCCGTTG

AC007863.14_280 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCCATCAATCTCATTCCCGAGG

AC007866.10_029 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCTCTGACCACCATAACCGGAC

AC012647.17_195 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCAACACTGTGACCCTCCTTGG

AC013485.2_081 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCAGCATTCCAGGGTTAGCTCC

AC091701.2_137 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCATCGTTAGATTCCGCCCAG

AC091701.2_185 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCCGTTTCATGCTGATGTCCTTG

AF008186 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCTGTAATCCGTCTTGTCACGG

AF011787 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCGATGTACAGCGAAGTGCGAG

AF020696 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCAGGCTTTGCAGCAGACTTTG

AF027739 3' primer

GTAATACGACTCACTATAGGGCCTGGAGAACAAATGTGCGAG

AF031926_1 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCTTCACTCCGTTTAACCCACC
AF031926_2 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCACTGGCTTTGTCTGGATGG
AF078916 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGGCGACCACGTTTCAGTTTGCATC
AF079110 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCCAGCATATTTGACGGTGACG
AF119091 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCTCCCTTCACCTTGAGGACAT
AJ005114 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCCATACGAAGGAGACAACGGG
J04124 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCCGTAACCTTTTCAGGGGCATC
J04841 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCGCACTTCATTCACCTTGTGC
L10721 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCCCAGAGGATTTTCAAGTGGC
M20570 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCGTTGGGAGTCCTTTTCAAGC
M36124 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCCGCGATCTGCTTTTACCTTC
U10562 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCCCATGCGTACTTGAATGAGG
U20092 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCACATCGTCATCGTGTGCAAG
U26666 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCCAAACGTGAAGTCGAGAGG
U28866 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCTCGGAGTATTTGGCGTATCG
U29199 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCGAGAAACATTCCCCCAGTC
U43702 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCTACCAAGGAAGGCAAAGGC
U52964 3' primer
GTAATACGACTCACTATAGGGCGGTCCCTCACTGCTTTTCATCG

Primers for Experimental Verification

The primers used for experimentally validating the LDA method are listed below. Each of these primers was designed to be within 200 - 300 nucleotides of the start of the coding region as identified by the Sanger Institute.

Tb927_1_1130 3' primer
AGGAAAGGAAATGACACCGC
Tb927_1_1150 3' primer
ATAACGCAACGAGCCTTCC
Tb927_1_1220 3' primer
ACGACCGAATATGTTGGAGG
Tb927_1_1230 3' primer
CCTCATTGTCACCAGCAAAG
Tb927_1_1240 3' primer
GCATACCCCACCAGTAACCA
Tb927_1_1270 3' primer
CATCTTCCACCAATGTCCC
Tb927_1_1350 3' primer
TGAAGCCATCTCCACCTACC
Tb927_1_1380 3' primer
ACTCTTCACGGGTTTCGTTCA
Tb927_1_140 3' primer
CCACGACATTTAACCACGTC
Tb927_1_1410 3' primer
CCGTATTTTCGTGTAAGCGG
Tb927_1_1430 3' primer
GTAACGAAGTGAAGGGTGCG
Tb927_1_150 3' primer
GCTCCAACCCTCATCAAATC
Tb927_1_1510 3' primer
GGAGATGGAGATGGAGATGG
Tb927_1_1580 3' primer
GAACCGAAAAGAAACCACCC
Tb927_1_1620 3' primer
GTGAGGCAAACATCCATCG

Tb927_1.1730 3' primer
TTAGACTCTCTTCGCCAGCC
Tb927_1.1740 3' primer
GCAATCGTTGTCTCCTCCTT
Tb927_1.1770 3' primer
ACTGACAATACGTGGCGGAC
Tb927_1.1800 3' primer
GGGTAAACTCCTCCTCGCTT
Tb927_1.2000 3' primer
AACACATAAGTCGCTCCCGT
Tb927_1.2150 3' primer
TACCGTCAGCTTCATCCACA
Tb927_1.2210 3' primer
CCTCATGCATTTTCATCCTCC
Tb927_1.2310 3' primer
CAACAACAACCAAGCACACC
Tb927_1.2430 3' primer
ACAAAAGGGTGAGAGGAGGC
Tb927_1.2620 3' primer
CCCCGCCTTAACAAGAAAGA
Tb927_1.2630 3' primer
CAATCGCGTATTCGTGTCTC
Tb927_1.3070 3' primer
GTGGGTGGCTGTTTTTCATC
Tb927_1.3330 3' primer
AATGTTCTCCTGCTTCCCGT
Tb927_1.3410 3' primer
GAGCACAGATGCGGAAAAGA
Tb927_1.3460 3' primer
GCACCAGAGGAAAAGAAGAAGG
Tb927_1.3480 3' primer
GGTAACTGTGTTTGCCCTGCG
Tb927_1.4020 3' primer
CAGAGACACACGCAGAGGAA
Tb927_1.4030 3' primer
AGTAAAACGGCATGAGGTGC

Tb927_1.4120 3' primer
CGAAAAACAAGGAGGAGG
Tb927_1.4130 3' primer
ATTCGGACGGTAAACAGCAG
Tb927_1.4500 3' primer
AAAGAAGAGGGAGCGGAATG
Tb927_1.4570 3' primer
CGAAAAGAACAAGGGAGAGG
Tb927_1.4590 3' primer
TTGCCAAGGACAATCCTC
Tb927_1.4620 3' primer
CGAAAAGAACAAGGGAGAGG
Tb927_1.4790 3' primer
AAAATCCAGAGACCACGGC
Tb927_1.4830 3' primer
GGAAGATGTCCTTCACCACC
Tb927_1.4960 3' primer
GAATAATGGAGCCGAAAGCC
Tb927_1.4970 3' primer
TTAAAGCTCGGTCTGCCATC
Tb927_1.5120 3' primer
CATTCTCCTCCTTCCCATCA
Tb927_1.5310 3' primer
GATAAGAGTTGTGGTAGCAGCC
Tb927_1.740 3' primer
ACACTCCCCTCAAGAAGCAA
Tb927_1.810 3' primer
CGCTATCACCACCAAACACA

3 LDA Predictions for Chromosome I

The LDA predicted class and score for each of the 509 ORFs on Chromosome I is shown below. ORFs are arranged from the smallest (i.e. most negative) LDA score to the largest LDA score.

ORF Id (Sanger Id)	Predicted Class	LDA Assigned Score
Tb927_1.150	Coding	-4.49417987
Tb927_1.140	Coding	-4.20744985
Tb927_1.1740	Coding	-3.87107596
Tb927_1.4990	Coding	-3.71694896
Tb927_1.4080	Coding	-3.52311019
Tb927_1.900	Coding	-3.42227368
Tb927_1.4930	Coding	-3.32486294
Tb927_1.5320	Coding	-3.29026492
Tb927_1.2340	Coding	-3.26916806
Tb927_1.2360	Coding	-3.26916806
Tb927_1.2380	Coding	-3.26916806
Tb927_1.2400	Coding	-3.22380788
Tb927_1.2350	Coding	-3.11775714
Tb927_1.4710	Coding	-3.07292897
Tb927_1.2330	Coding	-3.06451347
Tb927_1.2390	Coding	-3.06451347
Tb927_1.2800	Coding	-3.05820213
Tb927_1.5290	Coding	-2.95077606
Tb927_1.4060	Coding	-2.94610873
Tb927_1.2370	Coding	-2.88676661
Tb927_1.4520	Coding	-2.82929599
Tb927_1.1450	Coding	-2.73829955
Tb927_1.2750	Coding	-2.63012786
Tb927_1.5080	Coding	-2.58402910
Tb927_1.2790	Coding	-2.58013747

Tb927_1_1960	Coding	-2.52063402
Tb927_1_5220	Coding	-2.51715253
Tb927_1_4880	Coding	-2.49004634
Tb927_1_3960	Coding	-2.45029359
Tb927_1_4100	Coding	-2.42811860
Tb927_1_2580	Coding	-2.42579904
Tb927_1_2100	Coding	-2.42397538
Tb927_1_4470	Coding	-2.40294701
Tb927_1_4310	Coding	-2.38216839
Tb927_1_4480	Coding	-2.37575381
Tb927_1_3940	Coding	-2.37504870
Tb927_1_1100	Coding	-2.36403133
Tb927_1_3070	Coding	-2.34222902
Tb927_1_2210	Coding	-2.31702043
Tb927_1_3640	Coding	-2.29867174
Tb927_1_4180	Coding	-2.29131120
Tb927_1_2450	Coding	-2.26941679
Tb927_1_4410	Coding	-2.26650833
Tb927_1_3110	Coding	-2.26187438
Tb927_1_5000	Coding	-2.20500412
Tb927_1_2070	Coding	-2.18899949
Tb927_1_3220	Coding	-2.17088038
Tb927_1_4680	Coding	-2.14687277
Tb927_1_1440	Coding	-2.12896323
Tb927_1_4010	Coding	-2.09148361
Tb927_1_3270	Coding	-2.08502039
Tb927_1_1370	Coding	-2.08233176
Tb927_1_5010	Coding	-2.06997303
Tb927_1_4600	Coding	-2.01659317
Tb927_1_3200	Coding	-2.00394130
Tb927_1_3330	Coding	-2.00345375
Tb927_1_1730	Coding	-1.98352704
Tb927_1_2000	Coding	-1.97871890
Tb927_1_3040	Coding	-1.97289264
Tb927_1_1220	Coding	-1.95867094
Tb927_1_740	Coding	-1.95462124
Tb927_1_1920	Coding	-1.93509127

Tb927_1_3230	Coding	-1.93434517
Tb927_1_3120	Coding	-1.92206711
Tb927_1_2320	Coding	-1.91565554
Tb927_1_3010	Coding	-1.90549340
Tb927_1_950	Coding	-1.90102559
Tb927_1_4540	Coding	-1.89913627
Tb927_1_4400	Coding	-1.89872560
Tb927_1_4230	Coding	-1.89258190
Tb927_1_4630	Coding	-1.88522536
Tb927_1_1250	Coding	-1.88462923
Tb927_1_3250	Coding	-1.87818144
Tb927_1_4040	Coding	-1.86130849
Tb927_1_4250	Coding	-1.85472694
Tb927_1_1680	Coding	-1.83239916
Tb927_1_3390	Coding	-1.80703701
Tb927_1_4280	Coding	-1.79065996
Tb927_1_1930	Coding	-1.76468925
Tb927_1_3770	Coding	-1.75958429
Tb927_1_860	Coding	-1.75928472
Tb927_1_1540	Coding	-1.75494778
Tb927_1_3260	Coding	-1.75238026
Tb927_1_5160	Coding	-1.74199043
Tb927_1_670	Coding	-1.74128112
Tb927_1_3180	Coding	-1.74008466
Tb927_1_3000	Coding	-1.73466363
Tb927_1_4560	Coding	-1.73415937
Tb927_1_4800	Coding	-1.73207218
Tb927_1_980	Coding	-1.71595872
Tb927_1_4580	Coding	-1.71233591
Tb927_1_4730	Coding	-1.70550432
Tb927_1_5170	Coding	-1.69851501
Tb927_1_3050	Coding	-1.69821833
Tb927_1_1710	Coding	-1.69310358
Tb927_1_3670	Coding	-1.45871631
Tb927_1_4320	Coding	-1.45463635
Tb927_1_1910	Coding	-1.66919996
Tb927_1_5250	Coding	-1.65180370
Tb927_1_760	Coding	-1.61612575

Tb927_1_550	Coding	-1.61393691
Tb927_1_4330	Coding	-1.61142707
Tb927_1_2770	Coding	-1.60836194
Tb927_1_3290	Coding	-1.59530936
Tb927_1_1840	Coding	-1.59486918
Tb927_1_1150	Coding	-1.58832852
Tb927_1_2570	Coding	-1.58595488
Tb927_1_920	Coding	-1.57938960
Tb927_1_3360	Coding	-1.57635973
Tb927_1_1380	Coding	-1.57466203
Tb927_1_2640	Coding	-1.57447919
Tb927_1_4380	Coding	-1.57205463
Tb927_1_4140	Coding	-1.53913085
Tb927_1_990	Coding	-1.53894802
Tb927_1_3280	Coding	-1.53807091
Tb927_1_3950	Coding	-1.53631729
Tb927_1_1700	Coding	-1.52479816
Tb927_1_5100	Coding	-1.52391777
Tb927_1_1070	Coding	-1.51052975
Tb927_1_650	Coding	-1.50731135
Tb927_1_3760	Coding	-1.49407256
Tb927_1_2700	Coding	-1.49357395
Tb927_1_1350	Coding	-1.49259640
Tb927_1_4050	Coding	-1.48235548
Tb927_1_4420	Coding	-1.48138263
Tb927_1_3320	Coding	-1.47857335
Tb927_1_1790	Coding	-1.47745062
Tb927_1_1060	Coding	-1.46818540
Tb927_1_1090	Coding	-1.46648948
Tb927_1_1670	Coding	-1.46550225
Tb927_1_910	Coding	-1.46509521
Tb927_1_3670	Coding	-1.45871631
Tb927_1_4320	Coding	-1.45463635
Tb927_1_1320	Coding	-1.44328513

Tb927_1_3450	Coding	-1.43285679
Tb927_1_4740	Coding	-1.41832731
Tb927_1_1650	Coding	-1.41693025
Tb927_1_2040	Coding	-1.39606652
Tb927_1_2270	Coding	-1.39490172
Tb927_1_880	Coding	-1.38911105
Tb927_1_2740	Coding	-1.38455210
Tb927_1_2020	Coding	-1.38355142
Tb927_1_1620	Coding	-1.37930764
Tb927_1_570	Coding	-1.37828341
Tb927_1_1210	Coding	-1.36281735
Tb927_1_3620	Coding	-1.35565382
Tb927_1_3520	Coding	-1.34684856
Tb927_1_4090	Coding	-1.34393840
Tb927_1_3910	Coding	-1.34179732
Tb927_1_560	Coding	-1.33975774
Tb927_1_3860	Coding	-1.33816830
Tb927_1_690	Coding	-1.33212631
Tb927_1_1330	Coding	-1.32472790
Tb927_1_2710	Coding	-1.31491616
Tb927_1_1830	Coding	-1.31376988
Tb927_1_4370	Coding	-1.31121337
Tb927_1_3150	Coding	-1.30985322
Tb927_1_1750	Coding	-1.30447752
Tb927_1_1030	Coding	-1.30129069
Tb927_1_120	Coding	-1.29927265
Tb927_1_3470	Coding	-1.29230598
Tb927_1_2190	Coding	-1.28836044
Tb927_1_930	Coding	-1.28567001
Tb927_1_1470	Coding	-1.28160970
Tb927_1_4890	Coding	-1.27919242
Tb927_1_1880	Coding	-1.27099400
Tb927_1_1560	Coding	-1.26728199
Tb927_1_3800	Coding	-1.26358914
Tb927_1_2420	Coding	-1.26289921
Tb927_1_1660	Coding	-1.26066299

Tb927_1_2120	Coding	-1.24973185
Tb927_1_3130	Coding	-1.24915372
Tb927_1_630	Coding	-1.24729314
Tb927_1_3820	Coding	-1.24268888
Tb927_1_1690	Coding	-1.23556670
Tb927_1_1640	Coding	-1.23159306
Tb927_1_70	Coding	-1.22105302
Tb927_1_610	Coding	-1.22086434
Tb927_1_4300	Coding	-1.21996017
Tb927_1_1200	Coding	-1.21793832
Tb927_1_2230	Coding	-1.21142363
Tb927_1_160	Coding	-1.21061485
Tb927_1_730	Coding	-1.21057800
Tb927_1_710	Coding	-1.20656140
Tb927_1_3170	Coding	-1.20645913
Tb927_1_2600	Coding	-1.20104859
Tb927_1_5330	Coding	-1.19707352
Tb927_1_1600	Coding	-1.17915862
Tb927_1_3030	Coding	-1.17903420
Tb927_1_5050	Coding	-1.17619444
Tb927_1_1580	Coding	-1.17381075
Tb927_1_1550	Coding	-1.17126790
Tb927_1_1850	Coding	-1.16130875
Tb927_1_5180	Coding	-1.15933040
Tb927_1_2980	Coding	-1.15777726
Tb927_1_4720	Coding	-1.15496651
Tb927_1_1040	Coding	-1.14844370
Tb927_1_3430	Coding	-1.13318264
Tb927_1_4760	Coding	-1.13165405
Tb927_1_3840	Coding	-1.13020515
Tb927_1_720	Coding	-1.12638538
Tb927_1_830	Coding	-1.12231571
Tb927_1_5300	Coding	-1.12222350
Tb927_1_3560	Coding	-1.12071404
Tb927_1_3500	Coding	-1.11056154
Tb927_1_1160	Coding	-1.10930907
Tb927_1_3300	Coding	-1.10650333
Tb927_1_3880	Coding	-1.10227299

Tb927_1_2730	Coding	-1.10106481
Tb927_1_2060	Coding	-1.09638625
Tb927_1_1000	Coding	-1.09314415
Tb927_1_3310	Coding	-1.09271160
Tb927_1_5060	Coding	-1.08273294
Tb927_1_1020	Coding	-1.08272461
Tb927_1_4900	Coding	-1.06305304
Tb927_1_790	Coding	-1.06133443
Tb927_1_2990	Coding	-1.05604647
Tb927_1_640	Coding	-1.05029686
Tb927_1_1230	Coding	-1.04298374
Tb927_1_700	Coding	-1.03496718
Tb927_1_4450	Coding	-1.03311379
Tb927_1_4490	Coding	-1.02739991
Tb927_1_2670	Coding	-1.01014385
Tb927_1_4220	Coding	-1.00643990
Tb927_1_4870	Coding	-0.99570952
Tb927_1_3990	Coding	-0.98862519
Tb927_1_2950	Coding	-0.98856640
Tb927_1_3400	Coding	-0.98731596
Tb927_1_2850	Coding	-0.98551309
Tb927_1_4780	Coding	-0.98446741
Tb927_1_1010	Coding	-0.96981676
Tb927_1_180	Coding	-0.95892451
Tb927_1_1420	Coding	-0.94560455
Tb927_1_5110	Coding	-0.94364230
Tb927_1_30	Coding	-0.93609457
Tb927_1_5020	Coding	-0.92513125
Tb927_1_1990	Coding	-0.92457451
Tb927_1_370	Coding	-0.92415038
Tb927_1_1340	Coding	-0.91665291
Tb927_1_1240	Coding	-0.90901732
Tb927_1_290	Coding	-0.90600526
Tb927_1_780	Coding	-0.89170702
Tb927_1_2820	Coding	-0.88956400
Tb927_1_3060	Coding	-0.88804481

Tb927_1_870	Coding	-0.87095447
Tb927_1_1050	Coding	-0.86359708
Tb927_1_2940	Coding	-0.85790591
Tb927_1_4160	Coding	-0.85294322
Tb927_1_1720	Coding	-0.84539317
Tb927_1_1400	Coding	-0.83741154
Tb927_1_1610	Coding	-0.83101356
Tb927_1_2110	Coding	-0.82934088
Tb927_1_2510	Coding	-0.81114174
Tb927_1_2530	Coding	-0.81114174
Tb927_1_2550	Coding	-0.81114174
Tb927_1_480	Coding	-0.80676621
Tb927_1_2880	Coding	-0.79966552
Tb927_1_820	Coding	-0.78345024
Tb927_1_2490	Coding	-0.78253895
Tb927_1_2260	Coding	-0.78121065
Tb927_1_750	Coding	-0.77358945
Tb927_1_4340	Coding	-0.75939054
Tb927_1_1390	Coding	-0.73485542
Tb927_1_420	Coding	-0.73075940
Tb927_1_220	Coding	-0.73024168
Tb927_1_1500	Coding	-0.72702674
Tb927_1_1310	Coding	-0.72022605
Tb927_1_3830	Coding	-0.68578690
Tb927_1_3850	Coding	-0.68266805
Tb927_1_1530	Coding	-0.67947449
Tb927_1_540	Coding	-0.67615669
Tb927_1_4260	Coding	-0.67069075
Tb927_1_2890	Coding	-0.63293250
Tb927_1_3380	Coding	-0.61466718
Tb927_1_3810	Coding	-0.59357954
Tb927_1_1120	Coding	-0.59299101
Tb927_1_1140	Coding	-0.57464295
Tb927_1_1630	Coding	-0.55884835
Tb927_1_1980	Coding	-0.55090969
Tb927_1_1820	Coding	-0.54263437
Tb927_1_2910	Coding	-0.54050037
Tb927_1_2830	Coding	-0.48421370

Tb927_1_2860	Coding	-0.48421370
Tb927_1_580	Coding	-0.47174905
Tb927_1_840	Coding	-0.47104407
Tb927_1_3780	Coding	-0.46470803
Tb927_1_3550	Coding	-0.46020465
Tb927_1_3980	Coding	-0.44758555
Tb927_1_4840	Coding	-0.43505401
Tb927_1_600	Coding	-0.42266473
Tb927_1_4690	Coding	-0.41959975
Tb927_1_1270	Coding	-0.40560315
Tb927_1_2470	Coding	-0.40171939
Tb927_1_1300	Coding	-0.36868338
Tb927_1_4980	Coding	-0.36791966
Tb927_1_5150	Coding	-0.36318887
Tb927_1_5030	Coding	-0.35723495
Tb927_1_50	Coding	-0.35028729
Tb927_1_2780	Coding	-0.31638480
Tb927_1_3600	Coding	-0.30782257
Tb927_1_5270	Coding	-0.27111194
Tb927_1_2760	Coding	-0.26411341
Tb927_1_960	Coding	-0.26378871
Tb927_1_2030	Coding	-0.24650791
Tb927_1_2970	Coding	-0.24300957
Tb927_1_890	Coding	-0.22410184
Tb927_1_4910	Coding	-0.20418397
Tb927_1_1770	Coding	-0.19378862
Tb927_1_5200	Coding	-0.14864450
Tb927_1_1110	Coding	-0.14636812
Tb927_1_3580	Coding	-0.14047505
Tb927_1_4650	Coding	-0.11074292
Tb927_1_360	Coding	-0.09637404
Tb927_1_1900	Coding	-0.08313223
Tb927_1_80	Coding	-0.06710861
Tb927_1_5240	Coding	-0.05727332
Tb927_1_2080	Coding	-0.04909917
Tb927_1_380	Coding	-0.04719856
Tb927_1_3650	Coding	-0.03937717
Tb927_1_530	Non-coding	0.01241077

Tb927_1_5120	Non-coding	0.01409358
Tb927_1_1940	Non-coding	0.04287401
Tb927_1_170	Non-coding	0.05687863
Tb927_1_490	Non-coding	0.06710137
Tb927_1_2960	Non-coding	0.07235822
Tb927_1_3750	Non-coding	0.07757715
Tb927_1_2810	Non-coding	0.09070348
Tb927_1_2840	Non-coding	0.09070348
Tb927_1_2870	Non-coding	0.09070348
Tb927_1_4240	Non-coding	0.11312023
Tb927_1_470	Non-coding	0.12176506
Tb927_1_4500	Non-coding	0.12470561
Tb927_1_2480	Non-coding	0.17473648
Tb927_1_2560	Non-coding	0.17473648
Tb927_1_270	Non-coding	0.17743783
Tb927_1_3020	Non-coding	0.18189912
Tb927_1_3680	Non-coding	0.18475535
Tb927_1_2150	Non-coding	0.19069020
Tb927_1_4510	Non-coding	0.19595768
Tb927_1_940	Non-coding	0.21409180
Tb927_1_3890	Non-coding	0.23447511
Tb927_1_1970	Non-coding	0.24119401
Tb927_1_1810	Non-coding	0.28407607
Tb927_1_3710	Non-coding	0.28543373
Tb927_1_3730	Non-coding	0.29779124
Tb927_1_850	Non-coding	0.33858292
Tb927_1_2440	Non-coding	0.36618951
Tb927_1_2460	Non-coding	0.36618951
Tb927_1_2540	Non-coding	0.36618951
Tb927_1_390	Non-coding	0.38200221
Tb927_1_3350	Non-coding	0.41173060
Tb927_1_310	Non-coding	0.43004808
Tb927_1_5260	Non-coding	0.43232288
Tb927_1_3630	Non-coding	0.44955030
Tb927_1_4430	Non-coding	0.46251179
Tb927_1_3790	Non-coding	0.52084088
Tb927_1_3210	Non-coding	0.52616016
Tb927_1_1170	Non-coding	0.55578845

Tb927_1_280	Non-coding	0.56204924
Tb927_1_4850	Non-coding	0.58368346
Tb927_1_3410	Non-coding	0.58579290
Tb927_1_680	Non-coding	0.58685506
Tb927_1_3920	Non-coding	0.59394731
Tb927_1_2290	Non-coding	0.61316281
Tb927_1_2160	Non-coding	0.63343422
Tb927_1_4830	Non-coding	0.64311939
Tb927_1_2500	Non-coding	0.65081595
Tb927_1_2520	Non-coding	0.65081595
Tb927_1_5190	Non-coding	0.65388183
Tb927_1_3240	Non-coding	0.68369494
Tb927_1_3740	Non-coding	0.69359041
Tb927_1_2050	Non-coding	0.70955417
Tb927_1_2130	Non-coding	0.76466151
Tb927_1_4920	Non-coding	0.78224975
Tb927_1_260	Non-coding	0.78369768
Tb927_1_3900	Non-coding	0.78876725
Tb927_1_1800	Non-coding	0.80792030
Tb927_1_4070	Non-coding	0.86164296
Tb927_1_1180	Non-coding	0.90685662
Tb927_1_1190	Non-coding	0.90685662
Tb927_1_2900	Non-coding	0.92428056
Tb927_1_3700	Non-coding	0.93286023
Tb927_1_4970	Non-coding	0.94463876
Tb927_1_3490	Non-coding	0.96574977
Tb927_1_3160	Non-coding	0.98607635
Tb927_1_4210	Non-coding	0.98619261
Tb927_1_3720	Non-coding	0.98847551
Tb927_1_2930	Non-coding	0.99719770
Tb927_1_2430	Non-coding	1.00013798
Tb927_1_3540	Non-coding	1.00678560
Tb927_1_10	Non-coding	1.03004582
Tb927_1_3100	Non-coding	1.05023881
Tb927_1_3870	Non-coding	1.06560378
Tb927_1_4940	Non-coding	1.08121813
Tb927_1_970	Non-coding	1.09919128
Tb927_1_5210	Non-coding	1.12135237

Tb927_1_130	Non-coding	1.16609517
Tb927_1_4770	Non-coding	1.19600875
Tb927_1_1870	Non-coding	1.22408489
Tb927_1_4290	Non-coding	1.24403023
Tb927_1_4530	Non-coding	1.25268874
Tb927_1_5140	Non-coding	1.25433048
Tb927_1_340	Non-coding	1.28102970
Tb927_1_660	Non-coding	1.30040394
Tb927_1_4270	Non-coding	1.31470627
Tb927_1_3090	Non-coding	1.33116746
Tb927_1_2010	Non-coding	1.34370697
Tb927_1_200	Non-coding	1.37653629
Tb927_1_3530	Non-coding	1.38401360
Tb927_1_2200	Non-coding	1.43198249
Tb927_1_40	Non-coding	1.43617210
Tb927_1_3610	Non-coding	1.44437259
Tb927_1_2220	Non-coding	1.46075413
Tb927_1_400	Non-coding	1.49794070
Tb927_1_4960	Non-coding	1.50122764
Tb927_1_250	Non-coding	1.50192944
Tb927_1_460	Non-coding	1.59136522
Tb927_1_5070	Non-coding	1.60859057
Tb927_1_3370	Non-coding	1.63153672
Tb927_1_2680	Non-coding	1.65457385
Tb927_1_1490	Non-coding	1.65546240
Tb927_1_4460	Non-coding	1.66264496
Tb927_1_620	Non-coding	1.70336415
Tb927_1_2690	Non-coding	1.72077431
Tb927_1_2920	Non-coding	1.75075240
Tb927_1_4440	Non-coding	1.83406124
Tb927_1_5130	Non-coding	1.87824881
Tb927_1_1460	Non-coding	1.88673299
Tb927_1_110	Non-coding	1.92145906
Tb927_1_4660	Non-coding	1.92941454
Tb927_1_3140	Non-coding	1.95608036
Tb927_1_1360	Non-coding	1.99213777
Tb927_1_1590	Non-coding	2.02030816
Tb927_1_3570	Non-coding	2.03389725

Tb927_1_3340	Non-coding	2.03541159
Tb927_1_590	Non-coding	2.04328026
Tb927_1_3590	Non-coding	2.07392725
Tb927_1_1570	Non-coding	2.09343743
Tb927_1_2590	Non-coding	2.11994882
Tb927_1_1950	Non-coding	2.12410757
Tb927_1_2280	Non-coding	2.17571453
Tb927_1_4750	Non-coding	2.18727986
Tb927_1_5040	Non-coding	2.19672924
Tb927_1_2140	Non-coding	2.26511368
Tb927_1_5230	Non-coding	2.26795306
Tb927_1_1290	Non-coding	2.32364308
Tb927_1_4000	Non-coding	2.34782062
Tb927_1_3510	Non-coding	2.36809261
Tb927_1_230	Non-coding	2.37067846
Tb927_1_4360	Non-coding	2.44402336
Tb927_1_210	Non-coding	2.45831887
Tb927_1_4390	Non-coding	2.55725925
Tb927_1_2720	Non-coding	2.56342924
Tb927_1_3930	Non-coding	2.56489939
Tb927_1_4200	Non-coding	2.58268349
Tb927_1_4190	Non-coding	2.59524500
Tb927_1_810	Non-coding	2.70664131
Tb927_1_770	Non-coding	2.75018684
Tb927_1_1260	Non-coding	2.81230773
Tb927_1_3420	Non-coding	2.82795529
Tb927_1_4820	Non-coding	2.83611943
Tb927_1_2180	Non-coding	2.85535977
Tb927_1_1780	Non-coding	2.86703579
Tb927_1_3190	Non-coding	2.92803036
Tb927_1_1760	Non-coding	2.94372915
Tb927_1_4110	Non-coding	2.96769368
Tb927_1_4150	Non-coding	2.98586071
Tb927_1_4950	Non-coding	2.98902417
Tb927_1_4170	Non-coding	3.05693626
Tb927_1_1860	Non-coding	3.10055895
Tb927_1_4350	Non-coding	3.13215952
Tb927_1_3440	Non-coding	3.15537289

Tb927_1_1280	Non-coding	3.17950251
Tb927_1_2250	Non-coding	3.19453635
Tb927_1_2650	Non-coding	3.19758340
Tb927_1_4670	Non-coding	3.21212084
Tb927_1_2170	Non-coding	3.21585182
Tb927_1_800	Non-coding	3.28049415
Tb927_1_3080	Non-coding	3.30002843
Tb927_1_4790	Non-coding	3.38009407
Tb927_1_3970	Non-coding	3.41986883
Tb927_1_1480	Non-coding	3.43386493
Tb927_1_2300	Non-coding	3.43970036
Tb927_1_2090	Non-coding	3.45418611
Tb927_1_2240	Non-coding	3.46798629
Tb927_1_1520	Non-coding	3.70226190
Tb927_1_4610	Non-coding	3.76381539
Tb927_1_4640	Non-coding	3.76381539
Tb927_1_4020	Non-coding	4.00424119
Tb927_1_2630	Non-coding	4.01383201
Tb927_1_4120	Non-coding	4.04695921
Tb927_1_1430	Non-coding	4.09397135
Tb927_1_1510	Non-coding	4.11907730
Tb927_1_4030	Non-coding	4.14233512
Tb927_1_4620	Non-coding	4.27672800
Tb927_1_4130	Non-coding	4.38616012
Tb927_1_4550	Non-coding	4.40622841
Tb927_1_4590	Non-coding	4.40622841
Tb927_1_3480	Non-coding	4.58934510
Tb927_1_2610	Non-coding	4.62649366
Tb927_1_4570	Non-coding	4.66140089
Tb927_1_3460	Non-coding	4.66700712
Tb927_1_5310	Non-coding	4.67370425
Tb927_1_1410	Non-coding	4.72168242
Tb927_1_2660	Non-coding	5.32964191
Tb927_1_2310	Non-coding	5.54836192
Tb927_1_2620	Non-coding	5.77256613