

Table S1. Genes which expression is modified during Eystруп infection compared to uninfected pigs. One-class SAM analysis. Values are log ratio of infected pig versus non infected pigs. DPI: Day Post Infection, Mean is the mean of the log ratio for the eight pigs (E1-E8).

DPI	Gene Name	Oligo ID	Pig Number								Mean
			E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	
D1	IFIT3	19897:4950_CL3Contig1:f	3.52	1.70	1.28	1.90	0.82	1.59	0.95	1.52	1.660
D1	IFIH1	6041:45360_CL586Contig1:r	2.70	1.21	1.30	1.94	0.61	1.55	2.17	1.50	1.622
D1	SAMD9	33393:5134_6863459:f	3.16	1.19	1.42	2.23	0.82	1.65	1.20	1.30	1.622
D1	CXCL10	11504:20822_CL1Contig1:f	3.51	1.41	1.28	1.82	0.80	1.59	1.08	1.44	1.615
D1	PARP11	10889:385_CL1Contig1:r	2.36	1.01	1.32	1.88	0.71	1.64	1.14	1.29	1.418
D1	GBP2	18272:28721_CL3Contig1:f	2.11	0.91	1.67	1.63	0.43	2.01	1.32	1.14	1.403
D1	GBP1	13822:28721_CL1Contig2:r	1.84	0.80	1.54	1.96	0.49	1.30	1.43	1.50	1.358
D1	ISG20	NM_001005351.2	2.43	0.96	1.09	1.69	0.61	1.31	0.86	1.13	1.260
D1	IFI44	16784:18661_CL2Contig1:r	2.02	1.31	1.08	1.61	0.54	1.37	0.83	1.06	1.227
D1	HERC6	11670:35840_CL12Contig1:r	2.13	0.87	1.53	1.61	0.43	1.37	0.88	0.98	1.224
D1	OAS1	30554:6613_CL1Contig1:r	2.15	1.02	1.05	1.67	0.64	1.25	0.90	0.73	1.176
D1	?	TC225837:f	0.25	0.80	1.67	1.87	0.16	1.75	1.44	1.29	1.154
D1	OAS2	3659:36560_CL1Contig1:f	2.41	0.85	1.01	1.38	0.47	1.05	0.82	0.84	1.103
D1	XAF1	5248:36876_CL1Contig2:r	2.19	0.94	0.92	1.29	0.56	1.29	0.62	0.65	1.058
D1	STAT2	11310:15518_CL4Contig1:f	1.57	0.75	0.88	1.62	0.30	1.45	0.91	0.92	1.050
D1	?	15350:14257_CL1Contig1:r	1.99	0.82	1.35	1.26	0.27	1.14	0.75	0.78	1.045
D1	MX1	334:5560_CL1Contig1:r	2.50	0.85	0.61	1.26	0.66	0.83	0.78	0.83	1.040
D1	GVIN1	30427:8351_CL3Contig1:f	1.33	1.18	1.26	1.60	0.29	1.33	0.48	0.79	1.033
D1	SLC25A28	8246:7076_CL2Contig2:r	1.49	0.75	1.05	1.75	0.20	1.10	0.83	0.87	1.005
D1	SMCHD1	15469:24790_CL1Contig1:r	1.33	0.64	1.15	1.40	0.39	1.08	0.77	0.98	0.967
D1	LY64	16354:20538_C0007308m24-3:r	1.54	0.68	0.97	1.35	0.37	1.15	0.79	0.80	0.957
D1	CASP1	2787:12475_CL1Contig1:r	1.43	0.62	0.98	1.31	0.23	0.96	1.25	0.87	0.956
D1	FCGR1A	9778:5621_CL2Contig2:f	1.18	0.59	0.84	1.34	0.48	1.33	0.98	0.85	0.949
D1	EPSTI1	1802:18535_CL2Contig1:f	1.63	0.53	0.86	1.42	0.51	1.05	0.97	0.57	0.942
D1	DNAJA1	11334:7676_CL1Contig3:r	1.46	0.56	1.01	1.40	0.27	1.08	0.58	1.04	0.926
D1	CLEC4E	478:45360_CL514Contig1:r	0.67	0.46	1.16	1.70	0.15	1.17	0.97	1.00	0.910
D1	NT5C3	10635:8497_CL2Contig1:f	0.91	0.30	0.77	1.63	0.61	0.88	1.59	0.55	0.904
D1	PARP9	531:2579_CL1Contig1:r	1.66	0.60	1.01	1.00	0.35	1.17	0.54	0.90	0.904
D1	MNDA	32294:3432_CL1Contig1:f	1.47	0.59	0.98	1.45	0.23	0.95	0.77	0.74	0.897
D1	NBN	2580:25557_CL1Contig1:f	0.67	0.71	1.14	1.43	0.00	1.29	1.03	0.90	0.896
D1	USP18	15714:14279_CL1Contig1:r	1.75	0.95	0.99	0.90	0.33	1.12	0.48	0.54	0.883
D1	ZNF313	TC199538:f	0.97	0.34	1.37	1.27	-0.08	1.34	0.80	0.83	0.855
D1	PHF11	17473:736_CL1Contig1:r	1.33	0.55	0.76	1.61	0.17	0.92	0.81	0.56	0.838
D1	KYNU	31503:12219_CL1Contig1:f	0.58	0.83	0.93	1.22	0.21	1.13	0.88	0.90	0.835
D1	TRIM38	7353:45360_CL198Contig1:f	1.24	0.57	1.22	0.95	0.19	0.98	0.71	0.79	0.831
D1	CMH1	7267:1138_CL1Contig2:r	0.88	0.71	1.09	1.24	-0.03	1.03	0.69	0.95	0.820
D1	NMI	5976:15972_CL1Contig1:r	1.02	0.80	0.61	1.74	0.01	0.95	0.78	0.60	0.814
D1	GGH	13656:5720_CL1Contig1:f	1.26	0.58	0.98	1.16	0.28	0.79	0.56	0.69	0.788
D1	P2RY5	1896:5752_CL1Contig1:r	1.17	0.25	1.11	1.10	0.27	0.93	0.68	0.67	0.773
D1	CHMP5	12490:2796_CL1Contig1:f	1.19	0.43	0.93	0.98	0.29	0.86	0.71	0.68	0.759
D1	HK3	19012:1489_CL2Contig1:f	1.05	0.42	1.18	1.26	0.19	0.97	0.47	0.50	0.755

D1	LAMP2	17879:1544_CL1Contig1:r	0.48	0.49	1.09	1.24	0.04	1.16	0.81	0.66	0.746
D1	KLRF1	33260:45360_51353975:r	0.53	0.52	0.95	1.12	0.06	0.96	0.86	0.85	0.730
D1	CASP4	2786:12475_CL2Contig1:r	1.45	0.37	0.74	0.99	0.25	0.83	0.58	0.60	0.726
D1	?	9096:16108_CL1Contig2:r	0.67	0.64	0.85	1.04	0.32	1.21	0.60	0.43	0.720
D1	CD69	10823:45360_C0007760d20-7:f	0.80	0.29	0.90	1.08	-0.14	0.99	0.78	0.98	0.710
D1	UBE2L6	2914:3285_CL2Contig1:f	1.95	0.33	0.64	1.25	0.44	0.72	0.85	0.74	0.709
D1	PSMA6	6559:7716_CL1Contig1:r	0.63	0.42	0.88	1.13	-0.08	0.74	1.07	0.78	0.696
D1	BLNK	8193:9956_CL1Contig1:r	0.80	0.58	1.08	0.86	0.00	0.70	0.73	0.80	0.693
D1	BCL2L3	9750:39839_CL1Contig1:r	0.80	0.31	1.04	1.04	0.26	0.84	0.63	0.59	0.687
D1	PPA1	8677:421_CL1Contig1:f	0.93	0.36	0.76	1.22	0.13	0.84	0.61	0.57	0.676
D1	CCRL2	33938:16197_29279993:r	1.10	0.27	0.96	0.94	0.31	0.73	0.59	0.45	0.669
D1	?	TC226654:f	0.80	0.32	0.84	0.85	0.13	0.85	0.82	0.73	0.667
D1	PSMA5	9848:12850_CL1Contig1:r	1.01	0.39	0.90	0.85	0.01	0.72	0.82	0.63	0.666
D1	HSP90B1	19037:6424_CL1Contig1:r	0.81	0.44	0.74	1.35	0.02	0.77	0.52	0.60	0.656
D1	RHBDL1	19837:2976_CL1Contig1:r	0.94	0.49	0.43	1.09	0.33	0.70	0.75	0.51	0.655
D1	?	10519:3033_CL1Contig1:r	0.74	0.31	0.85	1.02	0.15	1.03	0.54	0.58	0.653
D1	MYCBP2	2002:12297_CL1Contig1:f	0.77	0.45	0.74	1.13	-0.12	0.98	0.58	0.68	0.651
D1	AIFM1	10133:45259_CL1Contig1:r	0.80	0.25	1.09	0.98	-0.04	0.85	0.66	0.62	0.651
D1	HSH2D	11991:15444_CL1Contig1:r	0.97	0.29	0.63	0.84	0.10	1.15	0.58	0.60	0.645
D1	CNIH4	3402:15321_CL1Contig1:f	0.31	0.81	0.76	0.76	0.00	0.90	0.94	0.66	0.643
D1	POLI	17239:6688_CL1Contig1:f	0.14	0.48	0.95	0.91	0.03	0.97	0.80	0.75	0.628
D1	?	1655:2066_CL1Contig1:r	0.72	0.27	0.85	0.95	-0.03	0.95	0.66	0.65	0.627
D1	CD55	14560:9903_CL1Contig2:f	0.63	0.42	0.72	1.00	0.00	0.75	0.49	0.68	0.586
D1	SNX2	12379:2886_CL2Contig1:r	0.38	0.34	0.92	0.75	-0.01	0.86	0.74	0.64	0.578
D1	DHRS3	3623:13909_CL1Contig1:r	0.72	0.80	0.42	1.06	0.09	0.57	0.39	0.34	0.549
D1	HEXB	31291:9150_6853856:r	0.63	0.29	0.76	0.93	-0.04	0.79	0.49	0.40	0.531
D1	PDE12	6889:8684_CL2Contig1:r	0.74	0.21	0.66	0.93	0.02	0.62	0.53	0.49	0.524
D1	SP140	5763:7416_CL1Contig1:r	0.88	0.32	0.53	0.75	0.03	0.64	0.42	0.61	0.523
D1	KMO	3491:9967_CL1Contig1:f	0.66	0.24	0.72	0.90	-0.05	0.68	0.46	0.55	0.520
D1	FBP1	17278:12319_CL1Contig1:r	0.53	0.55	0.78	0.48	-0.07	0.65	0.66	0.55	0.517
D1	?	TC227367:f	0.27	0.37	0.81	0.51	0.02	0.95	0.55	0.55	0.504
D1	FUNDC1	15500:11574_CL2Contig1:r	0.76	0.18	0.32	0.76	0.38	0.51	0.63	0.48	0.503
D1	TOR3A	3253:178_CL2Contig1:r	0.67	0.17	0.62	0.91	0.08	0.59	0.53	0.46	0.502
D1	IPO13	9428:1941_CL1Contig1:r	0.79	0.20	0.56	0.63	0.01	0.73	0.46	0.58	0.495
D1	Nat13	17327:16143_C0007741a12-7:f	0.55	0.13	0.76	0.51	0.04	0.49	0.42	0.61	0.439
D1	?	TC224301:f	0.32	0.29	0.61	0.53	0.19	0.95	0.38	0.22	0.436
D1	SLC15A3	9063:4969_CL1Contig1:r	0.58	0.24	0.69	0.67	0.00	0.43	0.39	0.43	0.429
D1	?	17879:1544_CL1Contig2-B:r	0.20	0.44	0.57	0.54	-0.06	0.73	0.54	0.42	0.422
D1	NRG1	14459:6810_CL2Contig1:f	0.45	0.11	0.53	0.57	0.02	0.62	0.39	0.36	0.380
D1	SFRS7	31484:4629_CL1Contig1:f	0.41	0.30	0.49	0.60	0.01	0.43	0.36	0.30	0.363
D1	OPTN	13759:11780_CL1Contig1:r	0.28	0.52	0.28	0.44	0.12	0.49	0.49	0.12	0.342
D1	AIF1	19768:21656_CL1Contig2:f	0.44	0.36	0.33	0.50	0.00	0.37	0.36	0.35	0.338
D1	NAGK	1587:9230_CL1Contig2:f	0.31	0.45	0.08	0.59	0.47	0.17	0.37	0.20	0.330
D1	UBE2B	11762:4774_CL1Contig1:r	0.03	0.67	0.25	0.32	0.30	0.39	0.36	0.25	0.321
D1	NEDD8	10466:459_CL1Contig1:r	0.52	0.36	0.09	0.41	0.20	0.24	0.44	0.22	0.309
D1	SCLT1	16861:25949_CL1Contig1:r	0.48	0.29	0.51	0.27	-0.01	0.38	0.25	0.30	0.308
D1	SQLRD1	14976:15284_CL1Contig1:f	0.31	0.23	0.17	0.62	0.09	0.29	0.44	0.25	0.300
D1	RSAD2	1355:8929_CL1Contig1:f	0.41	0.15	0.26	0.41	0.26	0.18	0.51	0.17	0.294
D1	SNX3	1514:28861_CL1Contig1:f	0.33	0.21	0.13	0.48	0.19	0.16	0.44	0.24	0.273
D1	TAX1BP1	10685:44195_CL1Contig1:r	0.27	0.15	0.26	0.48	0.24	0.13	0.33	0.26	0.265

D1	ALG8	16046:5391_CL1Contig1:f	0.34	0.13	0.30	0.31	0.07	0.43	0.35	0.09	0.253
D1	DERA	16990:19986_CL1Contig1:r	0.17	0.32	0.13	0.32	0.21	0.34	0.41	0.02	0.240
D1	G3BP1	11873:16669_CL1Contig1:f	0.41	0.13	0.24	0.36	0.09	0.41	0.11	0.17	0.238
D1	TMEM50B	12:5343_CL2Contig1:f	0.18	0.26	0.17	0.53	0.15	0.19	0.29	0.13	0.237
D1	CA1	18462:32_38008299:f	0.28	0.10	0.07	0.40	0.38	0.19	0.27	0.13	0.228
D1	?	9871:25853_CL1Contig1:f	0.18	0.20	0.41	0.29	0.11	0.39	0.11	0.13	0.227
D1	CYP51A1	10523:16878_CL1Contig1:r	0.20	0.25	0.36	0.33	0.00	0.23	0.15	0.22	0.217
D1	NVL	3420:22394_CL4Contig1:r	0.38	0.17	0.25	0.26	0.13	0.19	0.17	0.13	0.210
D1	PWP1	15733:24109_CL1Contig1:f	0.18	0.30	0.01	0.12	0.13	0.29	0.26	0.28	0.196
D1	HBS1L	13119:6090_CL2Contig1:r	0.17	0.32	0.09	0.21	0.28	0.14	0.26	0.10	0.196
D1	APOOL	15876:16512_CL1Contig1:r	0.27	0.13	0.17	0.21	0.20	0.24	0.03	0.27	0.190
D1	SRPK2	10566:11936_CL2Contig1:r	0.13	0.30	0.15	0.19	0.13	0.18	0.29	0.05	0.177
D1	NCOA1	TC236604:f	0.20	0.32	0.14	0.15	0.17	0.09	0.27	0.04	0.173
D1	TLE1	2051:6309_CL1Contig2:r	0.22	0.33	0.22	0.13	0.09	0.14	0.16	0.08	0.171
D1	PRKCSH	12158:2980_CL1Contig1:r	0.32	0.12	0.21	0.15	0.12	0.22	0.05	0.07	0.159
D1	SFRS18	13078:2948_CL1Contig1:f	0.10	0.10	0.15	0.23	0.11	0.29	0.22	0.06	0.157
D1	MEFG1	15951:5381_CL1Contig1:f	0.14	0.14	0.14	0.20	0.15	0.22	0.14	0.12	0.156
D1	TST	10729:1721_CL1Contig1:r	0.15	0.21	0.07	0.19	0.05	0.22	0.20	0.10	0.148
D1	MSH6	1648:23787_CL1Contig1:f	0.08	0.20	0.17	0.08	0.16	0.22	0.17	0.09	0.145
D1	ROPN1B	6315:13232_CL1Contig1:r	0.04	0.08	0.14	0.23	0.14	0.14	0.20	0.11	0.135
D1	TBX3	17507:32212_CL3Contig1:r	0.16	0.13	0.04	0.21	0.06	0.17	0.13	0.10	0.125
D1	?	TC214330:f	0.18	0.06	0.08	0.14	0.04	0.21	0.15	0.08	0.116
D1	DUOX1	592:5322_CL1Contig1:f	-0.15	-0.12	-0.10	-0.04	-0.03	-0.10	-0.12	-0.14	-0.100
D1	?	3326:28459_CL1Contig1:r	-0.14	-0.10	-0.21	-0.08	-0.05	-0.09	-0.16	-0.11	-0.118
D1	UNC84A	34902:35758_13660041:f	-0.06	-0.18	-0.09	-0.19	-0.23	-0.13	-0.12	-0.09	-0.137
D1	CYB561D1	9844:10285_40409713:f	-0.17	-0.18	-0.10	-0.18	-0.02	-0.17	-0.24	-0.13	-0.148
D1	DKFZp781N1041	34329:2517_33291376:f	-0.06	-0.20	-0.11	-0.19	-0.19	-0.15	-0.21	-0.10	-0.150
D1	?	TC205460:f	-0.18	-0.13	-0.10	-0.21	-0.15	-0.11	-0.09	-0.23	-0.150
D1	?	34339:9365_12010298:r	-0.07	-0.14	-0.14	-0.15	-0.26	-0.10	-0.20	-0.14	-0.150
D1	LPCAT3	20058:5817_CL1Contig1:r	-0.10	-0.13	-0.15	-0.15	-0.23	-0.19	-0.09	-0.21	-0.156
D1	?	TC214444:r	-0.13	-0.23	-0.24	-0.14	-0.17	-0.03	-0.25	-0.12	-0.164
D1	SSR2	9637:13197_CL1Contig2:r	-0.11	-0.24	-0.10	-0.10	-0.28	-0.21	-0.09	-0.22	-0.169
D1	?	TC237092:f	-0.13	-0.23	-0.14	-0.30	-0.21	-0.14	-0.12	-0.12	-0.174
D1	TESC	4020:12477_CL19Contig1:f	-0.18	-0.20	-0.14	-0.18	-0.18	-0.14	-0.28	-0.12	-0.177
D1	GPAA1	19267:27482_CL1Contig1:f	-0.13	-0.12	-0.12	-0.23	-0.14	-0.16	-0.27	-0.25	-0.178
D1	MRPS24	16348:159_CL1Contig1:r	-0.11	-0.37	-0.12	-0.18	-0.19	-0.26	-0.20	-0.09	-0.190
D1	GFER	19813:14352_CL1Contig2:f	-0.25	-0.22	-0.07	-0.18	-0.13	-0.29	-0.32	-0.11	-0.197
D1	PNKD	5714:27971_CL1Contig3:r	-0.14	-0.32	-0.30	-0.13	-0.27	-0.12	-0.22	-0.16	-0.207
D1	?	15923:34433_9017132:f	-0.01	-0.27	-0.17	-0.26	-0.25	-0.14	-0.31	-0.25	-0.208
D1	SBSN	33911:29637_CL1Contig1:r	-0.10	-0.23	-0.29	-0.36	-0.06	-0.15	-0.25	-0.22	-0.208
D1	ZCCHC11	9334:4571_CL2Contig1:r	-0.21	-0.25	-0.06	-0.19	-0.15	-0.16	-0.28	-0.37	-0.209
D1	RPLP0	3676:11285_CL1Contig1:r	-0.10	-0.31	-0.19	-0.19	-0.18	-0.29	-0.26	-0.22	-0.218
D1	BOLA2	7965:11739_7325594:f	-0.21	-0.29	-0.18	-0.32	-0.31	-0.27	-0.12	-0.15	-0.231
D1	DALRD3	18780:10105_CL1Contig3:f	-0.13	-0.30	-0.22	-0.30	-0.40	-0.21	-0.32	-0.03	-0.239
D1	?	1858:7077_CL1Contig1:f	-0.07	-0.38	-0.20	-0.36	-0.31	-0.30	-0.22	-0.10	-0.243
D1	PDE9A	320:9677_CL1Contig2:f	-0.17	-0.26	-0.14	-0.36	-0.12	-0.44	-0.25	-0.25	-0.249
D1	FAM113A	34613:30988_CL1Contig1:r	-0.14	-0.19	-0.25	-0.32	-0.20	-0.35	-0.27	-0.28	-0.250
D1	ELMO3	4565:2475_CL1Contig1:f	-0.17	-0.25	-0.19	-0.26	-0.20	-0.10	-0.51	-0.34	-0.253
D1	POLR1D	1947:9392_CL1Contig1:r	-0.17	-0.32	-0.13	-0.28	-0.35	-0.45	-0.22	-0.14	-0.258
D1	UBL4A	10196:9227_CL1Contig1:f	-0.29	-0.48	-0.30	-0.23	-0.38	-0.25	-0.13	-0.10	-0.270

D1	FEM1B	812:14912_CL1Contig1:f	-0.18	-0.42	-0.31	-0.58	-0.26	-0.20	-0.19	-0.15	-0.286
D1	SNRP70	4191:135_CL1Contig1:f	-0.25	-0.38	-0.14	-0.39	-0.43	-0.41	-0.38	-0.01	-0.300
D1	NPG4	NM_213863.1	-0.35	-0.31	-0.36	-0.21	-0.11	-0.61	-0.26	-0.55	-0.344
D1	?	6922:615_CL1Contig1:r	-0.32	-0.36	-0.44	-0.35	-0.26	-0.34	-0.47	-0.29	-0.354
D1	SOX4	7382:45360_CL365Contig1:r	-0.45	-0.49	-0.39	-0.36	-0.33	-0.62	-0.25	0.00	-0.361
D1	RPL21	34363:777_40476095:f	-0.48	-0.13	-0.46	-0.59	-0.27	-0.34	-0.43	-0.38	-0.385
D1	RPS3	2793:446_CL1Contig2:r	-0.21	-0.53	-0.35	-0.66	-0.24	-0.63	-0.18	-0.46	-0.408
D1	CST7	2467:13124_CL2Contig1:r	-0.56	-0.58	-0.63	-0.55	-0.44	-0.80	-0.31	-0.17	-0.505
D1	CCL5	5041:117_CL4Contig1:r	-1.24	-1.45	-1.45	-1.30	-0.66	-1.43	-1.55	-1.04	-1.265
D2	IFIT3	19897:4950_CL3Contig1:f	3.40	0.79	2.20	4.53	4.94	1.39	3.70	0.83	2.723
D2	CXCL10	11504:20822_CL1Contig1:f	3.16	0.91	2.95	3.77	3.93	1.03	3.45	0.91	2.514
D2	IFIH1	6041:45360_CL586Contig1:r	2.93	0.27	3.33	3.27	4.14	1.03	2.53	0.93	2.304
D2	ISG20	NM_001005351.2	2.55	0.69	1.83	2.98	2.96	2.06	3.78	0.75	2.200
D2	HERC5	10615:35840_CL7Contig1:r	2.76	0.40	2.71	4.36	3.36	0.45	2.85	0.70	2.198
D2	XAF1	5248:36876_CL1Contig2:r	2.93	0.77	2.36	3.87	3.08	1.12	2.57	0.76	2.183
D2	OAS1	35129:6613_CL1Contig2:r	2.34	1.05	2.38	2.51	3.01	1.40	3.60	0.54	2.104
D2	MX1	334:5560_CL1Contig1:r	2.37	0.63	2.51	2.73	3.10	1.09	2.84	0.72	2.000
D2	EPSTI1	1866:18535_CL1Contig1:f	1.33	0.74	1.83	2.84	2.62	0.79	4.09	0.87	1.889
D2	SAMD9	33393:5134_6863459:f	2.34	0.70	1.51	1.49	3.03	0.61	2.73	1.01	1.678
D2	FCGR1A	9778:5621_CL2Contig2:f	2.42	0.03	1.58	3.04	2.74	0.80	2.11	0.28	1.625
D2	IFI44	16784:18661_CL2Contig1:r	2.08	0.45	1.55	1.93	2.20	0.63	2.03	0.64	1.438
D2	CLEC12A	10820:13877_40430145:r	2.39	0.41	1.55	1.48	2.33	0.65	1.93	0.55	1.412
D2	NMI	5976:15972_CL1Contig1:r	1.97	-0.11	1.45	2.98	2.36	0.68	1.18	0.50	1.376
D2	RHBDL1	19837:2976_CL1Contig1:r	1.52	0.41	1.45	1.71	2.43	1.03	1.87	0.42	1.355
D2	NRG1	34465:6810_CL1Contig1:f	1.89	0.21	1.79	2.10	2.17	0.63	1.25	0.25	1.286
D2	GYPA	18225:2035_CL1Contig1:f	1.30	1.09	0.89	0.90	1.34	0.41	3.31	1.05	1.285
D2	CCL8	16011:7770_CL2Contig1:r	1.68	0.25	1.51	2.02	2.05	0.53	1.76	0.42	1.278
D2	PARP9	531:2579_CL1Contig1:r	1.60	0.26	1.33	2.67	2.51	0.52	0.90	0.22	1.251
D2	BLVRB	4740:4270_CL1Contig1:f	1.41	0.93	0.87	1.40	1.95	0.97	1.68	0.47	1.210
D2	GBP2	18272:28721_CL3Contig1:f	1.16	-0.01	1.85	2.14	1.68	0.40	1.65	0.54	1.176
D2	CASP4	2786:12475_CL2Contig1:r	1.64	-0.04	1.36	2.06	2.93	0.40	1.00	-0.02	1.166
D2	HEMGN	31211:29218_CL1Contig1:f	1.92	0.74	1.22	1.27	1.45	0.34	1.63	0.76	1.166
D2	NT5C3	10635:8497_CL2Contig1:f	1.60	0.43	1.82	1.34	1.06	0.18	1.78	0.53	1.093
D2	DHRS3	3623:13909_CL1Contig1:r	1.64	0.11	1.05	1.30	1.99	0.69	1.59	0.36	1.091
D2	LGALS3BP	4877:7567_CL1Contig1:r	1.49	0.32	1.32	1.52	1.75	0.54	1.00	0.21	1.019
D2	CA2	2584:32_CL4Contig1:f	1.07	0.72	1.23	1.64	1.07	0.50	1.50	0.32	1.007
D2	CCRL2	33938:16197_29279993:r	1.91	0.42	1.39	1.29	1.60	0.36	0.93	0.12	1.003
D2	ESCO1	31714:8268_CL3Contig1:f	0.67	0.57	0.02	1.97	1.86	0.73	1.38	0.76	0.994
D2	HERC6	10616:35840_CL8Contig1:r	1.48	0.31	1.22	1.02	1.11	0.44	1.46	0.74	0.972
D2	NEDD4L	15280:15066_CL3Contig1:r	1.19	0.44	0.91	2.17	1.04	0.35	1.21	0.40	0.964
D2	DNAJA1	11334:7676_CL1Contig3:r	1.17	-0.11	1.49	1.41	2.32	0.49	0.82	0.07	0.958
D2	KLRP1	33260:45360_51353975:r	1.27	-0.16	2.09	1.30	2.04	0.37	0.51	0.23	0.956
D2	SNCG	14617:16267_CL2Contig1:f	1.27	0.80	0.61	1.20	0.96	0.41	1.53	0.75	0.941
D2	PPBP	11474:10930_CL2Contig1:f	1.40	0.37	0.87	1.15	1.94	0.45	1.07	0.23	0.934
D2	4933429H19Rik	35159:25972_40835558:f	1.22	0.75	0.74	1.38	1.22	0.50	1.11	0.47	0.924
D2	HSH2D	11991:15444_CL1Contig1:r	1.19	0.22	1.23	1.67	1.10	0.25	1.44	0.28	0.923
D2	TRIM38	7353:45360_CL198Contig1:f	1.28	0.30	1.23	1.33	1.52	0.39	1.12	0.20	0.922
D2	?	30450:45360_21548515:r	1.49	0.56	0.99	1.32	1.47	0.60	0.96	-0.01	0.922
D2	STAT2	11310:15518_CL4Contig1:f	1.33	0.04	1.94	1.72	1.04	0.27	0.65	0.25	0.905
D2	UBD	17129:32384_C0007748o16-3:r	1.83	-0.07	1.38	1.37	0.92	0.25	1.28	0.24	0.900

D2	TFDP2	32799:15670_CL3Contig1:f	1.54	0.49	1.06	0.96	0.76	0.25	1.29	0.64	0.874
D2	SLC25A39	19606:7458_CL1Contig1:r	0.74	0.83	0.86	1.29	0.85	0.22	1.75	0.35	0.862
D2	PPA1	8677:421_CL1Contig1:f	1.49	0.07	1.33	1.40	1.29	0.26	0.78	0.16	0.848
D2	?	9758:24019_CL1Contig1:r	1.43	0.10	1.33	1.44	1.33	0.10	0.50	0.23	0.808
D2	FTL	31441:14826_CL1Contig2:r	0.96	0.39	0.87	1.19	1.22	0.40	0.87	0.49	0.799
D2	?	9096:16108_CL1Contig2:r	1.14	0.25	1.19	1.51	1.02	0.49	0.60	-0.04	0.770
D2	MBNL2	17987:44093_CL3Contig1:r	1.09	0.58	0.55	1.19	0.80	0.66	0.97	0.30	0.767
D2	CYB5	7597:7124_CL2Contig1:r	0.91	0.60	0.69	0.77	0.80	0.38	1.29	0.69	0.766
D2	S100A9	9818:11373_CL3Contig1:f	0.61	-0.20	0.89	1.41	1.93	0.47	0.62	0.23	0.745
D2	?	8909:1902_49325697:f	0.83	0.04	0.59	1.87	1.13	0.26	0.91	0.28	0.739
D2	CD2	15199:18506_CL1Contig1:r	0.90	-0.02	1.23	1.95	0.61	0.00	0.90	0.32	0.737
D2	GVIN1	30427:8351_CL3Contig1:f	1.12	0.18	1.03	1.09	1.18	0.28	0.65	0.36	0.736
D2	HNRNPL	4056:186_CL1Contig1:r	0.77	0.63	0.66	1.27	0.84	0.60	0.96	0.13	0.733
D2	TCF21	13392:143_CL1Contig1:r	0.67	0.59	0.02	1.76	1.02	0.66	0.72	0.33	0.721
D2	LRFN5	32393:2399_CL1Contig1:r	0.80	0.48	0.61	1.62	0.89	0.57	0.43	0.34	0.718
D2	IL4R	7864:31132_CL1Contig1:f	0.95	0.15	1.18	1.17	0.85	0.15	0.96	0.28	0.712
D2	GABBR1	7329:32384_CL1Contig1:f	1.14	0.12	0.66	0.62	1.22	0.20	1.21	0.35	0.689
D2	HIST1H2BM	7331:795_CL1Contig6:f	0.82	0.22	0.91	1.07	0.79	0.10	1.09	0.49	0.686
D2	GGH	13656:5720_CL1Contig1:f	1.43	0.13	0.88	1.04	0.76	0.18	0.82	0.14	0.673
D2	AMT	6946:10337_CL1Contig1:f	0.72	0.56	0.58	0.66	0.98	0.50	0.91	0.47	0.672
D2	ACCN3	10416:45360_CL254Contig1:r	0.83	0.19	1.00	1.04	0.75	0.16	0.87	0.47	0.663
D2	NR6A1	19177:209_CL17Contig1:f	0.82	0.22	0.56	1.04	0.86	0.66	0.89	0.19	0.656
D2	C10orf58	2904:9809_CL1Contig2:f	0.64	0.62	0.86	0.71	0.84	0.06	1.22	0.29	0.655
D2	IFI6	6641:21023_CL1Contig1:r	0.96	0.32	0.71	0.87	0.54	0.41	1.00	0.38	0.649
D2	?	14614:18972_CL1Contig1:r	0.79	0.32	1.09	0.97	0.54	0.27	0.71	0.49	0.647
D2	MAMDC2	15838:4330_CL1Contig1:f	0.67	0.46	0.58	0.76	0.93	0.44	0.80	0.40	0.630
D2	YPEL5	15225:672_CL2Contig1:f	0.45	0.35	0.69	0.60	0.81	0.27	1.26	0.50	0.617
D2	GBP1	13822:28721_CL1Contig2:r	0.75	0.38	0.02	1.15	0.92	0.41	0.96	0.35	0.617
D2	EIF5	17183:38594_CL1Contig1:r	0.48	0.04	0.61	1.36	1.15	0.13	0.75	0.35	0.608
D2	USP18	15714:14279_CL1Contig1:r	0.59	0.28	0.02	1.09	1.09	0.28	1.00	0.49	0.604
D2	DHX32	8401:29708_CL2Contig1:r	0.69	0.13	0.75	1.36	0.95	0.19	0.73	0.03	0.604
D2	TDRD7	12815:2278_CL1Contig1:f	0.69	0.12	0.59	1.37	0.96	0.25	0.59	0.13	0.586
D2	FUNDC1	15500:11574_CL2Contig1:r	1.07	0.28	0.39	0.37	0.83	0.56	0.93	0.20	0.579
D2	CWF19L2	18468:11748_CL2Contig1:f	0.67	-0.09	0.95	0.57	1.14	0.00	0.78	0.57	0.574
D2	HSPB1	30978:621_CL1Contig1:f	0.95	-0.04	0.79	1.13	0.88	0.47	0.50	-0.14	0.568
D2	POMT1	34146:5974_40437789:f	0.56	0.19	0.81	0.96	0.80	0.20	0.66	0.33	0.564
D2	SEC62	33830:25972_51325396:r	0.87	0.34	0.55	-0.23	0.99	0.35	1.26	0.38	0.563
D2	IGHA1	34043:15889_CL1Contig35:f	0.19	0.32	0.85	0.92	0.49	0.62	0.62	0.39	0.550
D2	POLR2K	2775:19486_CL1Contig1:r	1.03	-0.06	0.69	0.83	1.02	0.24	0.51	0.13	0.549
D2	PSMA3	622:12850_CL2Contig2:f	0.76	0.11	1.11	0.77	0.60	0.04	0.82	0.14	0.544
D2	IGHA2	17230:15889_CL1Contig14:f	0.69	0.10	0.75	1.17	0.72	0.32	0.46	0.10	0.538
D2	TAP1	7079:45360_CL293Contig1:f	0.64	-0.02	0.61	1.07	0.80	0.25	0.93	0.00	0.535
D2	UBB	19586:629_CL1Contig3:r	1.28	0.22	1.00	0.37	0.42	-0.02	0.41	0.40	0.510
D2	PLAC8	17585:4705_54527068:f	0.48	-0.07	1.05	0.94	0.79	0.35	0.43	0.07	0.505
D2	KDELR3	35320:12157_29280306:r	0.87	0.38	0.83	0.37	0.38	-0.28	0.97	0.43	0.494
D2	BNIP3L	14520:10317_CL2Contig1:r	0.47	0.27	0.67	0.56	0.58	0.16	0.82	0.35	0.485
D2	NMT1	5502:5664_CL2Contig1:r	0.37	0.07	0.62	1.06	0.92	0.13	0.60	0.05	0.478
D2	PPP1R12A	20056:8141_CL1Contig1:r	0.68	-0.07	0.87	0.57	0.85	0.18	0.66	0.06	0.475
D2	NKX2-2	30943:1320_CL1Contig1:f	0.55	0.33	0.67	0.42	0.61	0.47	0.37	0.17	0.449
D2	GLRX5	6658:18136_CL1Contig1:r	0.91	0.39	-0.06	0.53	0.18	0.52	0.60	0.42	0.436

D2	MOV10	9861:11234_CL1Contig1:f	0.64	0.07	0.71	0.72	0.54	0.10	0.46	0.08	0.414
D2	Env	30397:2877_46176599:f	0.77	0.30	0.06	0.54	0.65	0.35	0.47	0.15	0.411
D2	PSMB2	9514:19152_CL2Contig1:r	0.69	0.11	0.21	0.87	0.56	0.17	0.50	0.07	0.397
D2	UROS	8402:28556_CL1Contig1:r	0.43	0.57	-0.04	0.76	0.18	0.20	0.71	0.30	0.389
D2	ZNF236	7516:45360_40483100:f	0.55	0.53	-0.13	0.30	0.30	0.56	0.40	0.36	0.359
D2	CHRNA9	32902:1920_29286541:r	0.33	0.41	0.02	0.42	0.16	0.49	0.63	0.33	0.348
D2	IFITM1	8910:1902_CL2Contig1:f	0.67	0.20	0.07	0.31	0.41	0.27	0.44	0.14	0.313
D2	FTH1	9106:45360_CL2Contig2:r	0.55	0.28	0.29	0.53	0.22	0.35	0.12	0.06	0.300
D2	FTH1	9106:45360_CL2Contig2:r	0.55	0.28	0.29	0.53	0.22	0.35	0.12	0.06	0.300
D2	CCL4	18693:117_CL2Contig1:f	0.37	0.05	0.51	0.20	0.57	0.28	0.28	0.11	0.296
D2	EIF4EBP3	32362:10584_CL3Contig1:f	0.29	0.33	-0.02	0.31	0.20	0.41	0.41	0.30	0.279
D2	RPUSD4	9026:23369_CL1Contig2:f	0.38	0.05	0.24	0.34	0.38	0.28	0.32	0.08	0.258
D2	CPB1	3867:7823_CL1Contig1:r	0.29	0.33	0.02	0.09	0.34	0.35	0.31	0.31	0.254
D2	TRIAP1	3855:4227_CL1Contig1:f	0.26	0.15	0.32	0.16	0.07	0.37	0.41	0.25	0.249
D2	ECM2	11914:19700_CL1Contig1:f	0.30	0.15	0.09	0.26	0.28	0.42	0.13	0.35	0.248
D2	TMEM111	6807:7309_CL1Contig1:r	0.22	0.13	0.40	0.24	0.41	0.25	0.19	0.09	0.241
D2	LNPEP	30774:2610_54536029:f	0.18	0.14	0.34	0.24	0.24	0.23	0.22	0.20	0.224
D2	ADCY9	33293:3908_33289724:f	0.24	0.25	0.11	0.26	0.20	0.27	0.22	0.17	0.214
D2	CORO1A	7966:1963_CL1Contig1:r	-0.56	-0.04	0.08	-0.19	-0.03	-0.18	0.18	-0.23	-0.121
D2	RNASEH2C	8844:6709_CL1Contig1:r	-0.11	-0.20	-0.18	-0.19	-0.08	-0.17	-0.26	-0.18	-0.171
D2	VPS33B	34384:12527_51347795:f	-0.08	-0.19	-0.20	-0.11	-0.16	-0.22	-0.35	-0.16	-0.184
D2	SLC35E4	19379:9615_CL1Contig1:f	-0.16	-0.10	-0.20	-0.07	-0.20	-0.26	-0.32	-0.19	-0.187
D2	DMD	35079:12477_40392186:r	-0.02	-0.12	-0.20	-0.26	-0.26	-0.20	-0.31	-0.17	-0.193
D2	ESR1	30565:7042_40409764:f	-0.08	-0.17	-0.34	-0.12	-0.18	-0.24	-0.27	-0.15	-0.193
D2	FANCG	12740:4366_CL1Contig1:r	-0.30	-0.15	-0.11	-0.15	-0.22	-0.06	-0.25	-0.35	-0.199
D2	TTC8	770:45360_6971895:f	-0.08	-0.15	-0.41	-0.16	-0.15	-0.32	-0.24	-0.14	-0.206
D2	SNRPA	4121:6172_CL1Contig1:f	-0.40	-0.15	-0.11	-0.28	-0.24	-0.10	-0.28	-0.10	-0.208
D2	CRYAA	16912:621_13658496:f	-0.30	-0.13	-0.29	-0.28	-0.18	-0.16	-0.31	-0.03	-0.210
D2	MRPL12	4845:12239_CL1Contig1:r	-0.06	-0.14	-0.19	-0.12	-0.33	-0.32	-0.25	-0.29	-0.213
D2	LIPC	1097:5938_CL1Contig1:r	-0.22	-0.15	-0.14	-0.37	-0.23	-0.28	-0.13	-0.19	-0.214
D2	TXNDC13	30944:21813_54512553:f	-0.05	-0.14	-0.14	-0.15	-0.33	-0.40	-0.26	-0.24	-0.214
D2	SH2D1A	18454:4886_CL1Contig1:f	-0.18	-0.31	-0.09	-0.18	-0.15	-0.20	-0.19	-0.42	-0.215
D2	?	30586:16246_CL3Contig1:r	-0.19	-0.34	0.01	-0.28	-0.22	-0.25	-0.25	-0.25	-0.221
D2	EIF4B	11158:22321_CL1Contig1:r	-0.47	-0.22	-0.07	-0.27	-0.08	-0.22	-0.25	-0.20	-0.222
D2	LOC440716	14980:45360_13308382:f	-0.18	-0.27	-0.21	-0.20	-0.18	-0.39	0.01	-0.36	-0.223
D2	MC4R	7665:32245_6984155:f	-0.22	-0.19	-0.44	-0.16	-0.35	-0.08	-0.26	-0.11	-0.226
D2	XPOT	33448:26763_CL1Contig1:r	-0.19	-0.15	-0.05	-0.22	-0.32	-0.38	-0.35	-0.18	-0.229
D2	?	TC202752:f	-0.16	-0.25	-0.04	-0.34	-0.28	-0.39	-0.25	-0.14	-0.231
D2	PPP1R15A	4185:9275_CL1Contig1:f	-0.06	-0.31	-0.15	-0.14	-0.23	-0.23	-0.44	-0.29	-0.231
D2	ST8SIAL1	10792:2452_CL1Contig1:r	-0.30	-0.19	-0.26	-0.31	-0.22	-0.22	-0.01	-0.35	-0.233
D2	PRKRIR	14586:6872_37854756:f	-0.24	-0.29	-0.11	-0.30	-0.05	-0.37	-0.09	-0.41	-0.233
D2	?	1969:27491_CL1Contig1:r	-0.10	-0.39	-0.21	-0.15	-0.19	-0.27	-0.31	-0.27	-0.236
D2	RPL7A	20270:44862_CL2Contig4:r	-0.71	-0.15	0.09	-0.31	-0.26	-0.20	-0.13	-0.22	-0.236
D2	?	33556:1448_37855342:r	-0.08	-0.22	-0.28	-0.23	-0.41	-0.06	-0.25	-0.36	-0.236
D2	?	35306:31762_34166446:r	-0.42	-0.19	-0.08	-0.27	-0.04	-0.26	-0.29	-0.34	-0.236
D2	?	30044:8771_40432705:r	-0.29	-0.24	-0.06	-0.31	-0.31	-0.23	-0.16	-0.31	-0.239
D2	?	4937:35251_CL1Contig3:f	-0.32	-0.39	0.01	-0.39	-0.16	-0.30	-0.19	-0.18	-0.239
D2	SPTLC2	30602:24900_CL3Contig1:r	-0.27	-0.31	-0.09	-0.20	-0.22	-0.42	-0.15	-0.26	-0.240
D2	PDE9A	320:9677_CL1Contig2:f	-0.10	-0.32	-0.15	-0.35	-0.22	-0.20	-0.31	-0.29	-0.243
D2	NDUFA2	12477:7237_CL1Contig1:r	-0.46	-0.36	-0.05	-0.01	-0.34	-0.30	-0.18	-0.25	-0.244

D2	ARNT	9744:2753_13308811:f	-0.24	-0.23	0.03	-0.45	-0.20	-0.34	-0.34	-0.19	-0.245
D2	CALHM2	8286:9541_CL2Contig1:r	-0.26	-0.29	-0.07	-0.41	-0.18	-0.20	-0.21	-0.34	-0.245
D2	RPL3	10996:7936_CL2Contig2:f	-0.24	-0.19	-0.08	-0.52	-0.07	-0.29	0.06	-0.64	-0.246
D2	CTSH	6481:2503_CL3Contig1:f	-0.24	-0.21	-0.23	-0.12	-0.26	-0.17	-0.19	-0.57	-0.249
D2	MRPL37	9299:45360_CL54Contig1:r	-0.16	-0.32	0.09	-0.42	-0.21	-0.31	-0.37	-0.30	-0.249
D2	TEP1	932:20003_CL1Contig1:f	-0.22	-0.26	-0.21	-0.18	-0.22	-0.18	-0.40	-0.33	-0.250
D2	HNRNPM	17488:8532_CL1Contig1:f	-0.27	-0.29	0.10	-0.26	-0.23	-0.49	-0.35	-0.21	-0.250
D2	THYN1	34054:12389_CL1Contig1:f	-0.11	-0.37	-0.06	-0.33	-0.11	-0.54	-0.18	-0.30	-0.251
D2	LMBRD2	30224:6156_10868884:f	-0.11	-0.31	-0.11	-0.40	-0.18	-0.44	-0.26	-0.21	-0.251
D2	ABCA13	33242:45360_54533878:f	-0.47	-0.27	-0.11	-0.46	-0.12	-0.07	-0.32	-0.20	-0.253
D2	NDUFB5	15093:45360_CL80Contig1:r	-0.32	-0.28	-0.02	-0.41	-0.20	-0.26	-0.29	-0.25	-0.254
D2	SF3B5	12877:3759_CL1Contig1:r	-0.29	-0.41	-0.31	-0.38	-0.11	-0.13	0.00	-0.42	-0.256
D2	C17orf80	18691:24967_CL1Contig2:f	-0.22	-0.31	-0.32	-0.12	-0.28	-0.28	-0.26	-0.26	-0.257
D2	PSM12	34638:3990_CL3Contig1:f	-0.35	-0.22	-0.06	-0.49	-0.28	-0.19	-0.26	-0.21	-0.257
D2	RBPJ	11695:3438_CL1Contig1:r	-0.61	-0.15	-0.14	-0.38	-0.24	-0.27	-0.18	-0.11	-0.260
D2	PRDX5	9159:45700_CL1Contig1:f	-0.14	-0.33	-0.17	-0.19	-0.26	-0.28	-0.31	-0.43	-0.264
D2	FAM36A	3459:139_CL1Contig4:f	-0.37	-0.28	-0.13	-0.30	-0.23	-0.30	-0.24	-0.27	-0.265
D2	?	6922:615_CL1Contig1:r	-0.24	-0.16	-0.40	-0.27	-0.20	-0.41	-0.28	-0.16	-0.265
D2	IFT52	2234:20549_CL1Contig1:f	0.00	-0.38	-0.52	-0.15	-0.27	-0.17	-0.13	-0.51	-0.266
D2	CDK2AP1	3940:555_CL2Contig1:f	-0.43	-0.28	0.09	-0.48	-0.22	-0.34	-0.25	-0.21	-0.266
D2	TLR10	NM_001030534.1	-0.21	-0.30	-0.08	-0.35	-0.37	-0.25	-0.28	-0.30	-0.267
D2	?	TC205726:f	0.02	-0.42	-0.24	-0.19	-0.09	-0.32	-0.35	-0.55	-0.268
D2	ASXL1	2126:25459_CL1Contig1:r	-0.35	-0.35	0.00	-0.08	-0.19	-0.27	-0.38	-0.52	-0.268
D2	HADHB	1256:45900_CL5Contig1:f	-0.63	-0.25	-0.16	-0.31	-0.15	-0.30	-0.04	-0.30	-0.268
D2	?	18755:9417_CL1Contig1:r	-0.50	-0.21	-0.12	-0.35	-0.22	-0.23	-0.24	-0.28	-0.268
D2	VDAC1	11759:1014_CL2Contig1:r	-0.56	-0.15	-0.11	-0.38	-0.24	-0.30	-0.33	-0.08	-0.269
D2	CCDC24	9423:16387_CL1Contig1:r	-0.45	-0.26	-0.22	-0.38	-0.12	-0.29	-0.29	-0.16	-0.272
D2	DNAH17	18685:35384_9017986:r	-0.37	-0.28	-0.08	-0.37	-0.24	-0.30	-0.31	-0.22	-0.272
D2	RPS2	19808:37160_CL1Contig2:f	-0.50	-0.12	-0.28	-0.52	-0.39	-0.18	-0.01	-0.18	-0.272
D2	RABAC1	4096:17500_CL1Contig2:f	-0.29	-0.32	-0.29	-0.27	-0.16	-0.15	-0.37	-0.33	-0.273
D2	ELMO3	4565:2475_CL1Contig1:f	-0.19	-0.20	-0.16	-0.22	-0.39	-0.21	-0.60	-0.21	-0.273
D2	EZH2	10448:11104_CL1Contig1:f	-0.55	-0.27	-0.04	-0.35	-0.18	-0.26	-0.26	-0.28	-0.273
D2	HLA-DRB2	7270:10014_CL1Contig7:r	-0.22	-0.22	-0.22	-0.31	-0.13	-0.36	-0.35	-0.37	-0.273
D2	ESRRA	9157:209_CL8Contig1:f	-0.40	-0.02	-0.24	-0.56	-0.50	-0.25	-0.07	-0.16	-0.275
D2	CCNL2	19353:15580_CL1Contig4:r	-0.10	-0.36	0.01	-0.19	-0.25	-0.41	-0.45	-0.46	-0.276
D2	CAP	TC223746:f	-0.47	-0.22	-0.06	-0.35	-0.37	-0.30	-0.43	-0.01	-0.276
D2	LAMC1	15882:31332_CL2Contig1:f	-0.42	-0.32	-0.20	-0.30	-0.42	-0.23	-0.09	-0.23	-0.276
D2	USP50	35166:22638_CL1Contig1:f	-0.05	-0.36	-0.22	-0.16	-0.31	-0.49	-0.26	-0.36	-0.276
D2	AGBL3	31866:37696_CL2Contig1:r	-0.53	-0.22	0.06	-0.37	-0.22	-0.45	-0.37	-0.11	-0.276
D2	ZNF140	13467:45360_CL624Contig1:f	-0.16	-0.34	-0.15	-0.05	-0.24	-0.39	-0.49	-0.40	-0.277
D2	SSR2	9637:13197_CL1Contig2:r	-0.50	-0.33	-0.16	-0.09	-0.24	-0.36	-0.24	-0.30	-0.278
D2	NSMCE1	7863:10816_CL1Contig1:f	-0.40	-0.30	-0.16	-0.26	-0.09	-0.36	-0.38	-0.29	-0.280
D2	SLC25A17	11012:17461_CL1Contig1:r	-0.43	-0.21	-0.12	-0.37	-0.45	-0.29	-0.16	-0.21	-0.280
D2	FAM23A	35337:35264_2578655:f	-0.37	-0.31	0.13	-0.41	-0.35	-0.37	-0.28	-0.28	-0.280
D2	ARHGDI1A	TC201186:f	-0.42	-0.27	-0.09	-0.39	-0.28	-0.31	-0.25	-0.23	-0.280
D2	RPLP0	3676:11285_CL1Contig1:r	-0.05	-0.09	-0.25	-0.57	-0.34	-0.25	-0.29	-0.41	-0.281
D2	CA12	1083:32_9020115:f	-0.58	-0.23	-0.19	-0.07	-0.43	-0.29	-0.21	-0.25	-0.282
D2	CPD	19568:5257_CL3Contig1:r	-0.22	-0.27	-0.08	-0.33	-0.38	-0.18	-0.47	-0.33	-0.282
D2	TUBA1B	11181:14668_CL1Contig2:r	-0.33	-0.29	0.05	-0.53	-0.20	-0.19	-0.46	-0.30	-0.282
D2	CREB1	5695:1605_2071971:f	-0.48	-0.23	-0.21	-0.30	-0.15	-0.28	-0.25	-0.37	-0.284

D2	JTB	9551:8782_CL1Contig3:r	-0.34	-0.32	-0.48	-0.27	-0.28	-0.17	-0.09	-0.33	-0.285
D2	?	35212:25982_CL1Contig1:f	-0.40	-0.43	-0.01	-0.22	-0.35	-0.34	-0.13	-0.41	-0.286
D2	NDFIP1	11811:28041_CL1Contig1:f	-0.67	-0.27	-0.06	-0.15	-0.27	-0.21	-0.38	-0.28	-0.286
D2	?	TC227134:f	-0.19	-0.24	-0.25	-0.43	-0.26	-0.32	-0.29	-0.32	-0.288
D2	?	TC237309:f	-0.24	-0.23	-0.14	-0.57	-0.27	-0.34	-0.12	-0.39	-0.288
D2	EIF3G	31058:25157_CL1Contig1:r	-0.24	-0.29	-0.38	-0.27	-0.23	-0.36	-0.12	-0.43	-0.290
D2	PAG6	NM_001001536.2	-0.32	-0.29	-0.18	-0.21	-0.32	-0.26	-0.37	-0.38	-0.291
D2	POLE4	1562:2667_CL1Contig2:f	-0.34	-0.33	-0.19	-0.23	-0.34	-0.23	-0.32	-0.35	-0.291
D2	PORGSA1	NM_214312.1	-0.47	-0.29	-0.33	-0.23	-0.30	-0.18	-0.25	-0.29	-0.293
D2	TUBGCP2	19912:2441_CL1Contig1:r	-0.32	-0.21	-0.28	0.01	-0.31	-0.39	-0.44	-0.41	-0.294
D2	Pip5k1b	TC211878:f	-0.21	-0.30	0.11	-0.38	-0.34	-0.61	-0.49	-0.14	-0.296
D2	NEDD1	11383:29158_CL1Contig1:r	-0.19	-0.24	-0.46	-0.39	0.07	-0.39	-0.40	-0.38	-0.298
D2	ETS1	9043:32891_CL1Contig1:r	-0.50	-0.28	-0.33	-0.41	-0.27	-0.22	0.15	-0.53	-0.299
D2	SCAND1	2170:45360_CL156Contig1:f	-0.34	-0.38	0.00	-0.14	-0.46	-0.47	-0.38	-0.23	-0.300
D2	PTPN18	5951:4199_CL9Contig1:f	-0.24	-0.27	-0.33	-0.16	0.01	-0.40	-0.60	-0.41	-0.300
D2	?	TC236491:f	-0.08	-0.14	-0.14	-0.14	-0.53	-0.47	-0.59	-0.32	-0.301
D2	RAB28	TC225981:f	-0.27	-0.41	-0.06	-0.30	-0.42	-0.36	-0.38	-0.21	-0.301
D2	?	35360:34607_21546426:f	-0.50	-0.30	-0.39	-0.18	-0.09	-0.35	-0.28	-0.33	-0.303
D2	THEM2	7364:17573_CL1Contig1:r	-0.40	-0.33	-0.02	-0.68	-0.31	-0.35	-0.12	-0.22	-0.304
D2	SNRPF	11377:5753_CL1Contig2:f	-0.51	-0.43	-0.01	-0.38	0.03	-0.47	-0.25	-0.41	-0.304
D2	SNRP70	4191:135_CL1Contig1:f	-0.45	-0.39	-0.25	-0.40	0.12	-0.13	-0.48	-0.45	-0.304
D2	MLL5	10565:43228_CL2Contig2:r	-0.44	-0.33	0.15	-0.62	-0.39	-0.35	-0.25	-0.21	-0.305
D2	CD5	9062:18808_CL1Contig1:r	-0.56	-0.40	-0.39	0.08	-0.07	-0.38	-0.31	-0.41	-0.305
D2	PIK3R4	34603:6366_CL1Contig1:r	-0.34	-0.47	0.14	-0.41	-0.23	-0.41	-0.43	-0.30	-0.306
D2	?	34831:45360_CL752Contig1:r	-0.15	-0.28	-0.06	-0.16	-0.29	-0.71	-0.30	-0.50	-0.306
D2	SUPT4H1	30699:6755_CL2Contig1:f	-0.66	-0.30	0.03	-0.54	-0.35	-0.24	-0.16	-0.23	-0.307
D2	EEF1G	9118:5715_CL1Contig1:r	-0.39	-0.29	-0.22	-0.23	-0.41	-0.28	-0.37	-0.28	-0.309
D2	RNF111	TC229579:f	-0.61	-0.37	-0.05	-0.28	0.01	-0.28	-0.50	-0.40	-0.310
D2	?	15534:13557_CL1Contig1:r	-0.40	-0.33	-0.21	-0.56	-0.29	-0.31	0.10	-0.50	-0.312
D2	?	TC234835:f	-0.22	-0.33	-0.08	-0.43	-0.23	-0.35	-0.54	-0.32	-0.313
D2	?	4237:1570_CL2Contig1:r	-0.13	-0.34	-0.21	-0.09	-0.47	-0.44	-0.38	-0.45	-0.313
D2	Pion	33704:28141_CL1Contig1:f	-0.69	-0.23	-0.16	-0.35	-0.37	-0.18	-0.34	-0.19	-0.313
D2	GPR37	17703:5303_CL2Contig1:f	-0.56	-0.07	-0.32	-0.39	-0.43	-0.25	-0.31	-0.18	-0.314
D2	HN1	4952:11141_CL1Contig1:f	-0.19	-0.23	-0.46	-0.45	-0.53	-0.19	-0.15	-0.31	-0.314
D2	LOC127148	TC226955:f	-0.45	-0.55	0.05	-0.35	-0.46	-0.35	-0.07	-0.34	-0.315
D2	TYROBP	NM_214202.1	-0.34	-0.36	-0.14	-0.05	-0.19	-0.16	-0.73	-0.54	-0.315
D2	GPX4	12404:21000_CL1Contig1:f	-0.22	-0.49	-0.25	-0.39	-0.19	-0.24	-0.37	-0.40	-0.319
D2	?	TC204793:f	-0.27	-0.47	-0.08	-0.26	-0.09	-0.79	-0.41	-0.18	-0.319
D2	BANK1	14866:18098_CL1Contig1:f	-0.08	-0.45	-0.03	-0.07	-0.30	-0.53	-0.53	-0.56	-0.319
D2	RASA2	261:20073_CL1Contig1:f	-0.58	-0.36	-0.07	-0.62	-0.34	-0.41	0.09	-0.26	-0.319
D2	?	TC221562:f	-0.16	-0.31	-0.42	-0.23	-0.33	-0.37	-0.26	-0.50	-0.323
D2	ST6GALNAC6	17747:13413_CL5Contig1:f	-0.69	-0.41	0.05	-0.41	-0.09	-0.34	-0.50	-0.20	-0.323
D2	?	TC207274:f	-0.50	-0.47	0.03	-0.05	-0.22	-0.38	-0.63	-0.37	-0.323
D2	C10	10852:3860_CL1Contig1:r	-0.43	-0.35	-0.34	-0.52	-0.16	-0.20	-0.28	-0.31	-0.324
D2	DOK2	12799:24976_CL1Contig2:r	-0.55	-0.31	-0.09	-0.39	-0.12	-0.35	-0.54	-0.24	-0.324
D2	LY86	15147:29060_CL1Contig1:f	-0.35	-0.28	-0.06	-0.38	-0.54	-0.33	-0.22	-0.44	-0.325
D2	?	TC210410:f	-0.08	-0.40	-0.12	-0.09	-0.31	-0.54	-0.62	-0.45	-0.326
D2	TMTC1	10764:8413_37799115:r	-0.50	-0.15	-0.07	-0.53	-0.64	-0.31	0.07	-0.49	-0.328
D2	WAS	9986:35707_CL4Contig1:f	-0.61	-0.39	0.01	-0.34	-0.23	-0.25	-0.54	-0.28	-0.328
D2	C12orf51	3649:31482_CL1Contig1:f	-0.24	-0.23	-0.35	-0.24	-0.30	-0.42	-0.44	-0.42	-0.330

D2	?	17700:44684_CL1Contig1:f	-0.36	-0.38	-0.14	-0.18	-0.27	-0.67	-0.32	-0.32	-0.331
D2	RPL4	3869:4038_CL1Contig1:f	-0.37	-0.19	-0.38	-0.41	-0.60	-0.28	-0.01	-0.41	-0.331
D2	SKAP1	4794:7239_26017787:f	-0.22	-0.42	-0.09	-0.34	-0.30	-0.31	-0.60	-0.38	-0.332
D2	CLK1	33413:29470_CL1Contig5:f	-0.30	-0.41	0.00	-0.47	-0.24	-0.37	-0.46	-0.42	-0.334
D2	?	32247:31056_11997424:f	-0.53	-0.30	0.09	-0.56	-0.34	-0.39	-0.41	-0.24	-0.334
D2	ACP1	16572:9139_CL1Contig1:r	-0.61	-0.29	0.01	-0.45	-0.42	-0.31	-0.35	-0.26	-0.335
D2	SNX3	1514:28861_CL1Contig1:f	-0.61	-0.27	-0.53	-0.69	-0.08	-0.20	-0.01	-0.29	-0.335
D2	?	TC208663:f	-0.55	-0.34	-0.13	-0.15	-0.26	-0.32	-0.56	-0.38	-0.336
D2	HIGD2A	12390:15762_CL1Contig1:f	-0.40	-0.34	-0.53	-0.24	-0.26	-0.43	-0.13	-0.37	-0.338
D2	?	34842:45360_40467715:r	0.03	-0.38	-0.09	-0.26	-0.18	-0.59	-0.59	-0.65	-0.339
D2	?	TC224822:f	-0.61	-0.48	0.06	-0.53	-0.18	-0.33	-0.47	-0.17	-0.340
D2	?	16719:6284_CL2Contig1-A:f	-0.19	-0.63	0.01	-0.39	-0.07	-0.71	-0.41	-0.33	-0.340
D2	?	30182:16496_51348479:r	-0.35	-0.35	0.21	-0.49	-0.26	-0.50	-0.53	-0.45	-0.340
D2	FLJ42200	34860:45360_40472883:f	-0.22	-0.31	0.01	-0.61	-0.30	-0.17	-0.57	-0.56	-0.341
D2	ZNF574	4100:20977_CL1Contig2:r	-0.50	-0.25	-0.02	-0.42	-0.58	-0.12	-0.53	-0.32	-0.343
D2	HNRNPH3	8659:32575_CL7Contig2:f	-0.85	-0.47	-0.05	-0.33	-0.16	-0.45	0.03	-0.47	-0.344
D2	CST7	2467:13124_CL2Contig1:r	-0.47	-0.23	-0.13	-0.37	-0.56	-0.25	-0.37	-0.37	-0.344
D2	?	20188:2738_CL1Contig2:r	-0.27	-0.37	0.02	-0.45	-0.38	-0.40	-0.51	-0.40	-0.345
D2	CDKN1B	10809:15844_CL1Contig1:r	-0.85	-0.33	0.04	-0.37	-0.42	-0.20	-0.53	-0.11	-0.346
D2	LPCAT3	20058:5817_CL1Contig1:r	-0.26	-0.26	-0.20	-0.40	-0.24	-0.54	-0.47	-0.41	-0.347
D2	RBM3	9984:2811_CL2Contig1:r	-0.53	-0.14	-0.53	-0.46	-0.47	-0.26	-0.01	-0.38	-0.347
D2	PDE7A	TC225666:f	-0.85	-0.37	-0.07	-0.43	-0.31	-0.23	-0.22	-0.31	-0.348
D2	DBI	5584:8108_CL1Contig1:r	-0.14	-0.46	-0.33	-0.41	-0.20	-0.54	-0.41	-0.30	-0.349
D2	RPS21	2056:38207_CL1Contig2:r	-0.37	-0.33	-0.35	-0.45	-0.07	-0.49	-0.51	-0.23	-0.350
D2	?	34920:45360_18985695:f	-0.22	-0.21	-0.19	-0.60	-0.45	-0.61	-0.09	-0.43	-0.350
D2	?	TC206742:f	-0.37	-0.30	-0.17	-0.46	-0.45	-0.35	-0.51	-0.20	-0.351
D2	KHSRP	20172:22573_41131932:f	-0.59	-0.26	0.13	-0.53	-0.57	-0.26	-0.66	-0.08	-0.352
D2	?	TC223606:f	-0.37	-0.27	-0.12	-0.27	-0.46	-0.34	-0.79	-0.20	-0.352
D2	SPATA4	TC203310:f	-0.35	-0.45	0.12	-0.88	-0.23	-0.51	-0.26	-0.26	-0.353
D2	YTHDC1	16152:4191_CL2Contig1:r	-0.29	-0.37	0.19	-0.90	-0.39	-0.35	-0.44	-0.27	-0.353
D2	?	TC223986:f	-0.74	-0.56	-0.04	-0.34	-0.28	-0.33	-0.37	-0.20	-0.356
D2	?	34946:45360_CL1Contig13:f	-0.34	-0.34	0.06	-0.62	-0.69	-0.33	-0.54	-0.06	-0.358
D2	?	7434:435_CL1Contig1-B:r	-0.59	-0.39	-0.11	-0.28	-0.54	-0.31	-0.24	-0.41	-0.359
D2	?	TC237843:f	-0.50	-0.53	0.16	-0.34	-0.09	-0.40	-0.81	-0.36	-0.359
D2	Zbtb4	16114:39798_CL1Contig1:f	-0.38	-0.45	-0.72	0.03	0.07	-0.54	-0.25	-0.64	-0.360
D2	?	34339:9365_12010298:r	-0.24	-0.29	-0.09	-0.47	-0.49	-0.46	-0.51	-0.34	-0.360
D2	?	15139:15636_CL1Contig2-B:f	-0.37	-0.44	-0.07	-0.16	-0.42	-0.67	-0.40	-0.36	-0.361
D2	ZC3H7A	7769:7759_CL1Contig1:f	-0.56	-0.46	-0.03	-0.42	-0.09	-0.39	-0.52	-0.41	-0.361
D2	PNPLA3	11052:10135_CL2Contig1:r	-0.40	-0.17	-0.34	-0.15	-0.41	-0.47	-0.71	-0.24	-0.361
D2	MPP1	10175:1482_CL2Contig1:f	-0.88	-0.42	-0.19	-0.07	-0.24	-0.17	-0.50	-0.43	-0.363
D2	ZNF251	19272:45360_CL174Contig1:f	-0.32	-0.36	-0.58	-0.11	-0.27	-0.32	-0.37	-0.57	-0.363
D2	?	34340:45360_CL761Contig1:r	-0.38	-0.30	-0.14	-0.64	-0.35	-0.48	-0.16	-0.45	-0.363
D2	SLC25A6	10120:44685_CL1Contig1:r	-0.58	-0.11	-0.46	-0.43	-0.38	-0.32	-0.35	-0.28	-0.363
D2	CTCF	TC207555:f	-0.42	-0.56	0.12	-0.18	-0.45	-0.49	-0.62	-0.31	-0.364
D2	ZMYM2	1981:46305_CL6Contig1:r	-0.51	-0.49	-0.14	-0.31	-0.18	-0.43	-0.40	-0.49	-0.369
D2	?	16003:6090_CL4Contig1:r	-0.74	-0.52	0.14	-0.33	-0.15	-0.33	-0.57	-0.47	-0.371
D2	POLG2	19524:4958_CL2Contig1:f	-0.50	-0.47	-0.04	-0.34	-0.22	-0.42	-0.49	-0.49	-0.371
D2	?	TC223365:f	-0.72	-0.35	0.01	-0.39	-0.24	-0.31	-0.57	-0.42	-0.374
D2	GCSH	19460:24177_CL1Contig1:f	-0.32	-0.67	0.16	-0.41	-0.27	-0.34	-0.59	-0.55	-0.374
D2	?	6558:5359_CL1Contig1:f	-0.64	-0.33	0.05	-0.66	-0.19	-0.42	-0.69	-0.11	-0.374

D2	CRTC3	6419:6741_CL1Contig1:f	-0.59	-0.45	0.13	-0.43	-0.46	-0.29	-0.69	-0.23	-0.376
D2	ZADH2	33302:41148_CL1Contig1:r	-0.63	-0.54	0.09	-0.33	-0.14	-0.42	-0.54	-0.51	-0.378
D2	?	TC237585:r	-0.32	-0.55	-0.07	-0.53	0.05	-0.36	-0.81	-0.43	-0.378
D2	?	TC205928:r	-0.34	-0.23	-0.15	-0.11	-0.66	-0.62	-0.62	-0.30	-0.378
D2	ATOH8	TC199539:f	-0.47	-0.36	0.31	-0.71	-0.58	-0.42	-0.26	-0.54	-0.378
D2	SIRT1	TC208005:f	-0.35	-0.58	-0.09	-0.22	-0.34	-0.39	-0.71	-0.36	-0.380
D2	?	13624:45360_CL260Contig1-B:r	-0.43	-0.49	0.20	-0.12	-0.43	-0.52	-0.51	-0.74	-0.380
D2	BHLHB2	6835:4615_12008291:r	-0.51	-0.36	-0.08	-0.32	-0.43	-0.42	-0.65	-0.28	-0.381
D2	MGC35023	32989:45360_CL661Contig1:f	-0.37	-0.31	-0.19	-0.77	-0.34	-0.35	-0.26	-0.46	-0.381
D2	?	812:14912_CL2Contig1-A:f	-0.69	-0.44	-0.15	-0.24	-0.25	-0.37	-0.36	-0.56	-0.382
D2	RPS3	2793:446_CL1Contig2:r	0.18	-0.38	-0.44	-0.58	-0.16	-0.57	-0.34	-0.77	-0.383
D2	POLR2L	14433:11495_CL1Contig1:r	-0.27	-0.35	-0.65	-0.69	-0.18	-0.23	-0.24	-0.45	-0.383
D2	SLC5A11	7875:695_CL2Contig1:r	-0.50	-0.34	-0.11	-0.50	-0.49	-0.41	-0.34	-0.38	-0.384
D2	?	1056:8920_CL1Contig1:r	-0.41	-0.50	0.18	-0.84	-0.20	-0.61	-0.43	-0.26	-0.384
D2	?	18433:18889_CL1Contig1:r	-0.71	-0.44	0.00	-0.39	-0.15	-0.37	-0.57	-0.47	-0.387
D2	MAP3K5	TC214564:f	-0.59	-0.42	0.00	-0.66	0.05	-0.26	-0.85	-0.37	-0.388
D2	?	34656:45360_40829491:r	-0.27	-0.34	-0.04	-0.81	-0.20	-0.66	-0.06	-0.72	-0.388
D2	?	17242:2280_CL1Contig1:r	-0.56	-0.20	-0.39	-0.69	-0.39	-0.41	-0.24	-0.25	-0.391
D2	HLA-DMB	7088:15487_CL1Contig3:f	-0.34	-0.22	-0.47	-0.49	-0.68	-0.26	-0.41	-0.26	-0.391
D2	?	TC206544:f	-0.56	-0.44	0.20	-0.45	-0.81	-0.36	-0.47	-0.25	-0.392
D2	RHOQ	18543:2876_CL6Contig1:f	-0.34	-0.59	0.11	-0.26	-0.53	-0.45	-0.48	-0.63	-0.396
D2	ECHS1	19915:32175_CL1Contig2:r	-0.27	-0.35	-0.65	-0.41	-0.42	-0.33	-0.25	-0.49	-0.396
D2	KARS	4667:26410_CL1Contig1:f	-0.48	-0.34	-0.35	-0.33	-0.26	-0.32	-0.37	-0.74	-0.398
D2	ING2	19087:2515_CL2Contig1:f	-0.93	-0.46	0.14	-0.30	-0.23	-0.46	-0.49	-0.46	-0.398
D2	ARRB2	13281:1924_CL1Contig1:f	-0.37	-0.08	-0.71	-0.50	-0.62	-0.27	-0.44	-0.21	-0.400
D2	PCNP	1665:28073_CL1Contig1:f	-0.67	-0.32	0.12	-0.81	-0.30	-0.38	-0.73	-0.11	-0.400
D2	JRKL	35254:45360_C0007758e03-7:f	-0.11	-0.34	-0.24	-0.84	-0.41	-0.36	-0.59	-0.33	-0.403
D2	TINP1	6143:9780_CL1Contig1:r	-0.53	-0.46	0.02	-0.14	-0.23	-0.53	-1.01	-0.35	-0.404
D2	HLA-DRA	34410:2024_CL2Contig1:f	-0.46	-0.33	-0.56	-0.15	-0.66	-0.25	-0.38	-0.44	-0.405
D2	GTF2H5	15722:3611_CL1Contig1:r	-0.50	-0.43	-0.02	-0.75	-0.42	-0.42	-0.41	-0.29	-0.405
D2	RGD1560191	16838:45360_CL531Contig1:f	-0.43	-0.50	0.18	-0.66	-0.50	-0.28	-0.65	-0.40	-0.405
D2	MRPL10	2307:12629_40481805:f	-0.51	-0.34	-0.15	-0.35	-0.24	-0.50	-0.57	-0.59	-0.406
D2	?	TC209541:f	-0.61	-0.39	-0.12	-0.54	-0.26	-0.41	-0.62	-0.31	-0.408
D2	FMNL3	TC204461:f	-0.51	-0.42	-0.20	-0.20	-0.53	-0.30	-0.53	-0.58	-0.409
D2	?	34426:45360_59822504:f	-0.72	-0.33	0.20	-0.57	-0.41	-0.64	-0.22	-0.59	-0.410
D2	CDC42	5934:2876_CL5Contig2:f	-0.90	-0.57	0.02	-0.61	0.00	-0.66	-0.22	-0.34	-0.410
D2	EIF2	TC228336:f	-0.74	-0.45	0.01	-0.64	-0.39	-0.44	-0.35	-0.31	-0.414
D2	?	1821:21986_40828998:r	-0.95	-0.33	-0.01	-0.71	-0.54	-0.66	-0.01	-0.14	-0.419
D2	?	TC236435:r	-0.58	-0.32	-0.09	-0.75	-0.45	-0.43	-0.49	-0.27	-0.422
D2	AR	15027:2453_CL2Contig1:f	-0.48	-0.33	-0.26	-0.52	-0.53	-0.54	-0.43	-0.28	-0.422
D2	?	TC235030:f	-0.50	-0.52	-0.14	-0.56	-0.30	-0.41	-0.44	-0.54	-0.426
D2	PABPN1	880:20140_59815167:f	-0.34	-0.41	-0.18	-0.56	-0.42	-0.49	-0.47	-0.56	-0.429
D2	?	TC207913:f	-0.85	-0.61	0.38	-0.31	-0.28	-0.62	-0.79	-0.38	-0.433
D2	?	TC222586:f	-0.83	-0.52	-0.10	-0.48	-0.39	-0.46	-0.32	-0.37	-0.433
D2	LCK	5793:34974_CL2Contig1:r	-0.79	-0.35	-0.47	-0.23	-0.33	-0.67	-0.31	-0.38	-0.441
D2	?	30496:28608_CL2Contig1:f	-0.55	-0.45	-0.39	-0.45	-0.27	-0.30	-0.76	-0.39	-0.445
D2	CFD	33620:45360_CL17Contig1:r	-0.48	-0.26	-0.60	-0.39	-0.33	-0.49	-0.66	-0.35	-0.445
D2	Fau	33782:8061_59822061:r	-0.35	-0.34	-0.41	-0.66	-0.27	-0.23	-0.68	-0.62	-0.445
D2	RAB3IP	30971:28156_CL1Contig1:r	-0.69	-0.31	-0.30	-0.41	-0.27	-0.35	-0.43	-0.83	-0.448
D2	GNAS	14089:41223_CL1Contig5:f	-0.51	-0.38	-0.44	-0.47	-0.61	-0.42	-0.13	-0.63	-0.449

D2	HLA-DQA1	33905:2024_CL1Contig2:f	-0.40	-0.37	-0.28	-0.58	-0.52	-0.30	-0.54	-0.61	-0.450
D2	CD9	10868:1447_49347123:f	-1.07	-0.10	-0.45	-0.18	-0.45	-0.41	-0.24	-0.71	-0.450
D2	MRPL52	18510:26326_CL1Contig1:f	-0.27	-0.58	-0.39	-0.48	-0.42	-0.44	-0.46	-0.57	-0.451
D2	HCST	30959:21243_CL1Contig1:f	-0.35	-0.41	-0.81	-0.22	-0.27	-0.35	-0.65	-0.55	-0.452
D2	?	TC223079:f	-0.50	-0.53	0.26	-0.57	-0.23	-0.46	-0.97	-0.62	-0.453
D2	C18orf8	31716:1836_CL1Contig1:f	-0.50	-0.54	-0.07	-0.41	-0.41	-0.28	-0.68	-0.74	-0.454
D2	?	12760:8055_CL1Contig1-B:f	-0.38	-0.41	0.09	-0.72	-0.64	-0.26	-0.75	-0.58	-0.456
D2	?	TC231477:f	-0.16	-0.30	-0.22	-0.72	-0.33	-0.31	-1.01	-0.61	-0.457
D2	CD74	11833:16274_CL1Contig2:r	-0.47	-0.32	-0.51	-0.72	-0.90	-0.26	-0.29	-0.25	-0.465
D2	?	13504:24692_49339578:f	-0.72	-0.43	-0.09	-0.73	-0.47	-0.42	-0.44	-0.43	-0.466
D2	S100A2	9662:10691_CL2Contig1:r	-0.34	-0.26	-1.01	-0.62	-0.49	-0.26	-0.54	-0.25	-0.471
D2	?	TC209911:f	-0.99	-0.51	0.13	-0.37	-0.37	-0.58	-0.78	-0.32	-0.474
D2	RARS	TC210449:f	-0.38	-0.54	-0.27	-0.71	-0.37	-0.38	-0.52	-0.66	-0.479
D2	?	12044:42948_CL1Contig1:f	-0.34	-0.34	-1.20	-0.54	-0.37	-0.35	-0.19	-0.55	-0.485
D2	HLA-DQB1	33766:10014_CL1Contig9:f	-0.55	-0.28	-0.69	-0.42	-0.42	-0.28	-0.43	-0.81	-0.485
D2	RPS15	30798:10974_29278381:r	-0.27	-0.28	-0.01	-0.71	-0.53	-0.50	-1.12	-0.49	-0.489
D2	LOC207810	TC225421:f	-0.55	-0.60	0.54	-0.66	-0.33	-0.79	-1.03	-0.51	-0.491
D2	GNB2L1	12412:10990_CL1Contig4:f	-0.75	-0.42	-0.09	-0.47	-0.38	-0.66	-0.60	-0.56	-0.491
D2	?	35370:45360_CL773Contig1:f	-0.75	-0.49	-0.19	-0.87	-0.41	-0.52	-0.25	-0.55	-0.504
D2	FGL2	10543:45360_CL68Contig1:f	-0.67	-0.25	-0.74	-0.34	-0.24	-0.37	-0.78	-0.64	-0.504
D2	?	16773:16113_CL1Contig1:f	-0.71	-0.43	-0.28	-0.52	-0.43	-0.61	-0.57	-0.54	-0.511
D2	C3orf63	6877:4285_CL1Contig1:r	-0.69	-0.47	-0.12	-0.80	-0.58	-0.66	-0.47	-0.30	-0.511
D2	ARMC5	TC237859:f	-0.72	-0.25	-0.63	-0.66	-0.99	-0.26	-0.26	-0.33	-0.513
D2	NDUFB5	35063:8348_CL1Contig1:r	-0.50	-0.31	-0.62	-0.99	-0.65	-0.42	-0.33	-0.30	-0.515
D2	SMC6	13663:8276_CL1Contig2:f	-0.51	-0.40	-0.24	-0.62	-0.83	-0.36	-0.60	-0.57	-0.517
D2	?	TC202521:f	-0.96	-0.55	0.63	-0.65	-0.43	-0.65	-0.90	-0.69	-0.525
D2	?	TC223854:f	-0.66	-0.37	-0.03	-0.87	-0.33	-0.50	-0.87	-0.57	-0.525
D2	?	TC233081:f	-0.47	-0.52	0.24	-1.51	-0.15	-0.63	-0.57	-0.60	-0.526
D2	IVNS1ABP	34105:19113_CL2Contig1:f	-0.42	-0.68	-0.48	-0.46	-0.37	-0.75	-0.46	-0.62	-0.530
D2	FKBP5	7109:20096_54533856:f	-0.90	-0.42	-0.38	-0.66	-0.33	-0.51	-0.31	-0.78	-0.535
D2	MarR	TC222992:f	-1.06	-0.47	0.08	-0.84	-0.42	-0.53	-0.63	-0.48	-0.543
D2	CEBPD	17184:7423_CL1Contig3:f	-0.59	-0.39	-0.32	-0.83	-0.23	-0.43	-0.71	-0.86	-0.545
D2	KLRD1	33849:45360_CL788Contig1:r	-0.66	-0.38	-0.78	-0.73	-0.22	-0.54	-0.49	-0.61	-0.551
D2	Bem4613	35208:32698_51349760:r	-0.71	-0.52	0.26	-0.91	-0.43	-0.60	-0.84	-0.77	-0.565
D2	S100A6	9665:21623_CL1Contig2:f	-0.91	-0.46	-0.56	-0.27	0.05	-0.38	-1.32	-0.70	-0.569
D2	ITGB1BP2	9955:11958_CL2Contig1:r	-0.50	-0.45	-0.39	-0.91	-0.58	-0.56	-0.90	-0.27	-0.570
D2	RecF	TC225916:f	-0.83	-0.64	0.01	-0.80	-0.43	-0.47	-0.72	-0.72	-0.575
D2	?	TC203104:f	-0.43	-0.48	-0.73	-0.69	-0.49	-0.48	-0.60	-0.84	-0.592
D2	ESD	1886:12143_CL1Contig1:r	-0.10	-0.35	0.21	-0.85	-0.76	-0.90	-1.16	-0.87	-0.598
D2	?	TC205773:f	-0.61	-0.63	0.54	-1.22	-0.81	-0.73	-0.79	-0.59	-0.605
D2	?	35243:45360_C0007308g24-7:f	-0.80	-0.51	0.03	-1.09	-0.52	-0.61	-0.61	-0.80	-0.614
D2	?	TC222585:f	-0.80	-0.56	0.25	-1.06	-1.06	-0.69	-0.57	-0.47	-0.620
D2	LOC537469	TC222533:f	-1.09	-0.46	0.19	-0.58	-0.60	-1.07	-0.98	-0.45	-0.630
D2	?	TC205504:f	-0.90	-0.45	-0.39	-0.81	-0.92	-0.52	-0.76	-0.46	-0.652
D2	?	31785:7537_CL2Contig1:f	-1.49	-0.40	0.53	-1.25	-1.14	-0.79	-0.84	0.04	-0.668
D2	CCL23	32200:6563_CL1Contig1:f	-0.73	-0.47	-1.07	-0.73	-0.71	-0.45	-0.68	-0.64	-0.685
D2	S100A4	9663:10691_37985407:f	-0.11	-0.35	-2.35	-0.24	-0.85	-0.54	-1.00	-0.27	-0.714
D2	RPS3A	3813:7247_CL1Contig2:f	-1.03	-0.44	-0.41	-0.66	-0.71	-0.55	-1.00	-0.94	-0.718
D2	NAP1L1	11331:2100_CL1Contig2:r	-1.46	-0.47	-0.46	-1.02	-0.59	-0.63	-0.91	-0.59	-0.766
D2	NDUFS2	TC218189:f	-0.64	-0.57	0.32	-0.76	-1.37	-0.59	-1.38	-1.30	-0.786

D2	CYTB	4342:20951_CL1Contig2:f	-0.75	-0.54	-0.89	-1.25	-0.65	-0.95	-0.71	-0.79	-0.816
D2	IL20RB	288:11045_CL1Contig1:f	-1.33	-0.45	-1.07	-0.81	-0.90	-0.63	-0.97	-0.50	-0.833
D2	KLRK1	30875:45360_CL723Contig1:f	-1.33	-0.58	-1.25	-0.82	-0.98	-0.65	-0.85	-0.86	-0.915
D2	MT-CYTB	17635:20951_29287598:r	-0.66	-0.51	-0.36	-1.48	-0.62	-1.23	-1.47	-1.26	-0.949
D2	VIM	2392:45360_CL5Contig6:f	-1.11	-0.58	-1.90	-0.69	-1.89	-0.67	-0.97	-0.77	-1.072
D2	CCL5	5041:117_CL4Contig1:r	-1.56	-0.38	-2.03	-1.04	-1.17	-0.78	-1.46	-0.93	-1.169
D3	CXCL10	11504:20822_CL1Contig1:f	4.21	2.34	3.66	1.09	4.34	0.63	4.25	1.93	2.807
D3	IFIT3	19897:4950_CL3Contig1:f	2.70	1.98	2.20	1.31	5.68	2.02	1.97	1.81	2.459
D3	HERC5	10615:35840_CL7Contig1:r	2.06	1.74	1.91	1.32	3.92	1.53	2.52	1.40	2.051
D3	IFIH1	6041:45360_CL586Contig1:r	1.96	1.88	1.67	1.70	3.24	1.59	2.15	1.66	1.982
D3	ISG20	NM_001005351.2	2.86	1.55	1.94	1.32	3.29	1.54	1.14	1.41	1.881
D3	OAS1	30554:6613_CL1Contig1:r	2.39	1.57	1.56	1.34	3.77	1.53	1.56	1.21	1.867
D3	IFIT1	8190:4950_CL1Contig1:f	1.91	1.61	2.04	1.28	3.47	1.55	1.64	1.32	1.852
D3	EPSTI1	1866:18535_CL1Contig1:f	2.17	1.89	2.03	1.15	2.16	1.55	1.93	1.35	1.778
D3	XAF1	5248:36876_CL1Contig2:r	2.04	1.17	1.81	1.15	3.36	1.58	1.39	1.07	1.696
D3	MX1	334:5560_CL1Contig1:r	1.16	1.65	1.77	1.27	3.45	1.59	1.49	1.14	1.689
D3	IFI44	16784:18661_CL2Contig1:r	1.37	1.71	1.76	1.13	2.81	1.63	1.62	1.20	1.654
D3	CLEC12A	10820:13877_40430145:r	0.70	1.27	1.20	1.02	2.93	1.77	1.64	1.28	1.476
D3	NRG1	34465:6810_CL1Contig1:f	2.37	0.86	1.31	0.82	2.12	1.35	1.56	0.89	1.409
D3	FCGR1A	9778:5621_CL2Contig2:f	2.05	0.52	0.59	1.23	2.43	1.73	1.52	1.05	1.390
D3	HERC6	10616:35840_CL8Contig1:r	1.08	1.66	1.84	0.61	1.17	0.92	1.94	0.99	1.277
D3	NT5C3	10635:8497_CL2Contig1:f	0.64	1.35	0.60	1.34	1.23	1.59	1.61	1.47	1.229
D3	?	9758:24019_CL1Contig1:r	1.54	0.28	0.92	0.59	2.09	1.20	1.96	1.20	1.223
D3	HSPA1A	19776:24927_CL3Contig3:r	2.17	0.82	0.88	0.65	1.40	1.21	1.60	0.89	1.202
D3	ANG	940:12701_CL1Contig1:f	1.81	0.76	1.03	0.64	1.37	1.28	1.55	1.06	1.188
D3	CLEC4E	478:45360_CL514Contig1:r	1.90	0.88	0.57	1.01	0.84	1.17	1.41	1.31	1.136
D3	SAMD9	15671:5134_CL1Contig1:f	1.99	0.49	0.79	0.60	1.82	0.49	1.91	0.79	1.110
D3	NMI	5976:15972_CL1Contig1:r	0.99	1.00	0.85	0.63	1.85	1.14	1.14	1.00	1.075
D3	CASP4	2786:12475_CL2Contig1:r	1.57	0.53	0.77	0.78	1.74	1.26	1.14	0.69	1.060
D3	CCRL2	33938:16197_29279993:r	1.82	0.67	0.57	0.97	0.78	1.18	1.23	1.12	1.043
D3	?	TC226654:f	1.31	1.26	1.47	0.54	1.11	0.94	0.91	0.73	1.033
D3	CASP1	2787:12475_CL1Contig1:r	1.18	0.86	0.77	0.63	1.41	1.46	1.09	0.76	1.020
D3	GBP2	18272:28721_CL3Contig1:f	0.89	0.79	1.09	0.78	1.49	1.41	0.82	0.75	1.003
D3	PSMA6	6559:7716_CL1Contig1:r	1.03	0.59	0.46	0.76	1.46	1.64	0.95	0.71	0.950
D3	HK3	19012:1489_CL2Contig1:f	1.66	0.95	1.15	0.58	0.56	0.78	1.03	0.85	0.945
D3	HSP90B1	19037:6424_CL1Contig1:r	1.08	1.33	0.97	0.82	1.03	0.80	0.41	1.03	0.933
D3	IFI6	6641:21023_CL1Contig1:r	1.47	0.66	0.96	0.47	1.25	0.79	1.12	0.70	0.928
D3	GBP1	13822:28721_CL1Contig2:r	0.83	1.12	0.83	1.05	0.78	1.15	0.89	0.76	0.926
D3	PPA1	8677:421_CL1Contig1:f	1.65	0.88	0.67	0.62	0.72	1.04	0.73	1.04	0.919
D3	RHBDL1	19837:2976_CL1Contig1:r	1.52	0.43	0.56	0.65	1.86	0.40	1.33	0.59	0.918
D3	KLRF1	33260:45360_51353975:r	1.42	0.88	0.47	0.52	0.99	1.02	1.12	0.88	0.912
D3	STAT2	11310:15518_CL4Contig1:f	1.03	0.82	1.14	0.75	1.23	0.95	0.57	0.79	0.910
D3	LAMP2	17879:1544_CL1Contig1:r	0.98	0.80	0.65	0.60	1.77	0.48	1.34	0.63	0.907
D3	DHRS3	3623:13909_CL1Contig1:r	1.03	0.72	0.84	0.76	2.00	0.38	0.84	0.68	0.907
D3	DNAJA1	11334:7676_CL1Contig3:r	1.33	0.45	0.37	0.62	0.81	1.39	1.38	0.80	0.894
D3	?	TC238171:f	1.35	0.22	0.60	0.50	1.62	0.83	1.09	0.71	0.865
D3	?	9096:16108_CL1Contig2:r	0.91	0.98	0.69	0.94	1.05	1.07	0.58	0.64	0.857
D3	LCN2	1412:20027_CL1Contig1:r	1.49	0.56	0.28	0.22	0.76	1.09	1.13	1.30	0.854
D3	RGS1	3382:854_5823136:f	0.52	0.68	0.97	0.58	0.05	1.06	1.12	1.85	0.854
D3	CCL8	16011:7770_CL2Contig1:r	1.16	0.48	0.93	0.41	1.83	0.66	0.88	0.39	0.843

D3	SPINK4	17453:23318_257597:f	0.60	0.69	0.40	1.15	0.63	0.93	1.34	0.96	0.837
D3	USP18	15714:14279_CL1Contig1:r	0.85	0.65	1.12	0.51	0.83	0.98	1.11	0.61	0.833
D3	TPM4	11990:44862_CL3Contig1:r	1.12	0.72	0.82	-0.05	1.38	0.40	1.32	0.94	0.831
D3	HSPB1	30978:621_CL1Contig1:f	1.13	0.42	0.61	0.59	1.22	0.66	1.16	0.83	0.828
D3	CCL3L1	19552:117_CL3Contig2:f	1.28	0.50	0.61	0.50	0.96	1.16	0.79	0.70	0.813
D3	ZCCHC6	30384:4571_CL1Contig1:r	1.05	0.68	0.44	0.39	0.84	1.14	0.92	0.78	0.780
D3	BIRC3	14134:6750_CL1Contig1:f	1.09	0.67	0.74	0.33	0.50	0.90	1.00	0.99	0.778
D3	NBN	2580:25557_CL1Contig1:f	0.46	0.71	0.39	0.98	0.90	1.43	0.70	0.61	0.773
D3	?	3943:35388_CL1Contig1:r	1.00	0.23	0.78	0.12	0.89	0.96	1.56	0.62	0.770
D3	GGH	13656:5720_CL1Contig1:f	1.48	0.60	1.26	0.40	0.90	0.12	0.83	0.50	0.761
D3	PARP9	531:2579_CL1Contig1:r	0.87	0.53	0.89	0.62	0.77	1.00	0.76	0.64	0.760
D3	S100A9	9818:11373_CL3Contig1:f	0.46	1.15	0.74	0.32	0.65	0.76	1.36	0.59	0.754
D3	BID	10964:30404_CL1Contig2:r	0.59	0.40	0.65	0.24	1.11	0.93	1.60	0.38	0.737
D3	KYNU	31503:12219_CL1Contig1:f	0.68	0.68	0.14	0.87	0.80	1.27	0.76	0.69	0.735
D3	SNX10	10692:8691_CL1Contig2:r	1.30	0.57	0.61	0.47	0.50	0.34	1.26	0.62	0.709
D3	LGALS3BP	4877:7567_CL1Contig1:r	1.22	0.48	1.01	0.31	0.84	0.46	0.95	0.27	0.693
D3	HSH2D	11991:15444_CL1Contig1:r	0.85	0.52	0.63	0.66	0.86	0.76	0.67	0.56	0.689
D3	GVIN1	30427:8351_CL3Contig1:f	0.33	0.96	0.88	0.74	0.53	0.97	0.52	0.57	0.688
D3	TAP1	7079:45360_CL293Contig1:f	0.72	0.69	0.79	0.14	1.16	0.74	0.87	0.31	0.678
D3	ZNF313	TC199538:f	0.06	0.87	0.55	0.35	0.42	1.16	1.02	0.82	0.656
D3	GABBR1	7329:32384_CL1Contig1:f	0.08	0.89	0.60	0.62	1.35	0.70	0.54	0.47	0.656
D3	BCL2A1	6514:4804_CL1Contig1:f	0.96	0.39	0.34	0.35	0.80	0.40	1.28	0.70	0.653
D3	PGA3	9882:45360_540096:f	0.87	0.42	0.62	0.48	1.22	0.06	0.93	0.58	0.647
D3	IRF7	8940:6822_CL1Contig1:f	0.42	0.55	0.91	0.36	0.45	0.67	1.16	0.60	0.639
D3	HIST1H2BM	7331:795_CL1Contig6:f	0.76	0.56	0.59	0.53	0.33	1.12	0.59	0.60	0.635
D3	LOC132699	5858:2829_4717223:f	0.63	0.79	0.62	0.24	1.04	0.71	0.42	0.59	0.630
D3	?	17255:2829_CL1Contig1:f	0.84	0.42	1.19	0.11	0.63	0.54	0.83	0.45	0.626
D3	TCIRG1	8854:2312_CL1Contig1:f	0.86	0.25	0.42	0.19	0.84	1.20	0.96	0.29	0.626
D3	CNIH4	3402:15321_CL1Contig1:f	0.44	0.90	0.17	0.68	0.87	0.95	0.59	0.39	0.624
D3	FYB	6243:19876_CL1Contig1:f	0.42	0.90	0.65	0.44	0.39	0.69	0.63	0.79	0.614
D3	CD69	10823:45360_C0007760d20-7:f	0.42	0.65	0.92	0.11	0.65	0.43	0.96	0.70	0.605
D3	MEX3C	17563:23897_CL2Contig1:f	0.21	0.67	0.32	0.85	0.93	0.22	0.84	0.81	0.605
D3	SAMSN1	403:2532_CL2Contig1:r	0.77	0.65	0.74	0.23	0.60	0.66	0.41	0.70	0.595
D3	JAK2	14121:25073_CL5Contig1:f	0.68	0.48	0.22	0.45	0.39	0.33	1.34	0.76	0.581
D3	MED6	717:3349_CL1Contig1:r	0.39	0.55	0.54	0.45	1.01	0.68	0.60	0.37	0.574
D3	PLAC8	17585:4705_54527068:f	1.10	0.35	0.51	0.59	0.42	-0.01	0.99	0.61	0.570
D3	ADRA2B	TC230424:f	0.57	0.34	0.00	0.52	0.51	1.05	0.59	0.96	0.568
D3	?	13683:9184_CL5Contig1:r	0.68	0.28	0.36	0.31	0.23	0.80	1.23	0.60	0.561
D3	FCN2	NM_214160.1	1.29	0.21	0.34	0.55	0.56	0.67	0.45	0.36	0.554
D3	?	8909:1902_49325697:f	0.78	0.55	0.92	0.31	0.52	0.24	0.79	0.28	0.549
D3	OPTN	13759:11780_CL1Contig1:r	0.57	0.63	0.32	0.60	0.37	0.65	0.65	0.60	0.548
D3	ZDHHC24	32787:18248_40436501:f	0.61	0.53	0.34	0.59	0.70	-0.03	1.02	0.61	0.545
D3	USP25	16488:863_CL1Contig2:r	0.60	0.19	0.77	0.32	0.23	0.72	1.11	0.36	0.538
D3	PRNPIP	18306:45360_CL192Contig1:f	0.43	0.67	0.36	0.49	0.64	0.82	0.34	0.52	0.534
D3	FUNDC1	15500:11574_CL2Contig1:r	0.67	0.46	0.53	0.95	0.74	-0.13	0.46	0.58	0.533
D3	PTPN12	17725:4199_CL2Contig1:f	0.41	0.34	0.28	0.73	0.53	0.83	0.39	0.74	0.531
D3	USP15	18134:6604_CL4Contig1:f	0.89	0.22	0.46	0.38	0.87	0.67	0.51	0.24	0.530
D3	POLR2K	2775:19486_CL1Contig1:r	0.65	0.28	0.24	0.81	0.35	0.83	0.60	0.45	0.526
D3	VPS24	1760:14639_CL1Contig1:r	1.03	0.40	0.73	0.43	0.42	0.04	0.61	0.55	0.526
D3	CLIC2	17015:20095_CL2Contig1:r	0.71	0.51	0.10	0.66	0.36	0.50	0.79	0.57	0.524

D3	?	19947:11498_34169823:f	0.55	0.32	0.49	0.85	0.58	-0.14	0.84	0.63	0.515
D3	B2M	773:865_CL1Contig3:f	0.45	0.69	0.48	0.05	0.89	0.35	0.82	0.35	0.510
D3	ALB	19926:14213_CL1Contig1:r	0.37	0.65	0.37	0.49	0.60	0.23	0.65	0.65	0.501
D3	C15orf21	32927:43374_CL1Contig1:f	0.81	0.40	0.61	0.14	0.72	0.46	0.41	0.41	0.495
D3	NFKBIZ	1659:5625_49916839:r	0.78	0.49	0.28	0.09	0.50	0.58	0.67	0.54	0.492
D3	TDRD7	12815:2278_CL1Contig1:f	1.03	0.26	0.43	0.66	0.35	0.21	0.63	0.35	0.491
D3	BNIP3L	14520:10317_CL2Contig1:r	0.53	0.18	0.46	0.13	0.84	0.23	0.74	0.80	0.489
D3	TRIM38	7353:45360_CL198Contig1:f	0.47	0.38	0.14	0.48	1.01	0.21	0.63	0.56	0.484
D3	SSR1	7418:8616_CL1Contig1:f	0.84	0.28	0.26	0.27	0.39	0.69	0.54	0.58	0.481
D3	MOV10	9861:11234_CL1Contig1:f	0.34	0.86	0.79	0.32	0.44	0.37	0.40	0.33	0.481
D3	NPHS1	32494:45360_CL103Contig1:f	0.47	0.45	0.34	0.35	0.44	0.58	0.72	0.45	0.476
D3	AIFM1	10133:45259_CL1Contig1:r	0.30	0.32	0.48	0.20	0.51	1.02	0.64	0.33	0.475
D3	CFLAR	16700:38522_CL1Contig2:r	0.73	0.22	0.41	0.17	0.42	0.64	0.77	0.41	0.472
D3	PSMA5	9848:12850_CL1Contig1:r	0.43	0.39	0.45	0.67	0.45	0.38	0.72	0.27	0.470
D3	SELL	3457:7293_CL1Contig1:f	0.30	0.72	0.39	0.02	0.47	0.44	0.83	0.59	0.470
D3	CD47	457:18584_51304632:r	0.64	0.55	0.09	0.55	0.51	0.18	0.57	0.64	0.466
D3	PANK2	2516:8928_CL1Contig1:r	0.32	0.41	0.29	0.68	0.60	0.20	0.52	0.70	0.465
D3	PSMA1	3094:12940_CL3Contig1:f	0.23	0.63	0.46	0.05	0.74	0.63	0.54	0.40	0.460
D3	GNG10	12609:7628_CL1Contig1:f	0.70	0.06	0.26	0.36	0.35	0.65	0.36	0.93	0.458
D3	HSPA9	11795:24927_CL4Contig1:f	0.50	0.32	0.87	0.20	0.29	0.53	0.49	0.46	0.458
D3	RHEB	20044:32199_CL5Contig1:r	0.41	0.56	0.79	0.11	0.59	0.30	0.61	0.27	0.455
D3	TNC	12624:45360_CL225Contig1:f	0.58	0.18	0.02	0.62	0.43	0.68	0.73	0.35	0.448
D3	UBB	19586:629_CL1Contig3:r	0.38	0.53	0.24	0.53	0.48	0.74	0.04	0.64	0.448
D3	PDIA3	19678:6018_CL3Contig1:r	0.31	0.55	0.53	0.32	0.29	0.68	0.58	0.31	0.446
D3	HNRNPA2B1	15708:45360_CL40Contig2:r	0.20	0.69	0.74	0.27	0.38	0.41	0.29	0.59	0.446
D3	TAP2	7077:45360_CL224Contig1:f	0.35	0.26	0.59	0.50	0.80	0.57	0.32	0.15	0.443
D3	CXCL2	11471:10930_CL1Contig3:f	0.77	0.22	0.28	0.48	0.17	0.48	0.77	0.31	0.435
D3	C10orf58	2904:9809_CL1Contig2:f	0.14	0.58	0.36	0.41	0.33	0.23	0.59	0.82	0.433
D3	IL1A	1722:5552_CL1Contig1:r	0.88	0.24	0.23	0.13	0.54	0.54	0.55	0.35	0.432
D3	?	905:23059_CL1Contig1:r	0.15	0.34	0.33	0.45	0.44	0.70	0.52	0.51	0.430
D3	IFI16	34125:3432_CL2Contig1:r	0.30	0.44	0.39	0.41	0.83	0.10	0.48	0.43	0.422
D3	FBXO6	18605:7850_CL1Contig2:r	0.32	0.60	0.41	0.23	0.53	0.37	0.58	0.33	0.422
D3	TMBIM6	11174:37652_CL1Contig1:r	0.46	0.27	0.30	0.16	0.30	0.62	0.91	0.32	0.417
D3	IL8	11476:10930_CL3Contig1:r	0.47	0.51	0.51	0.11	0.36	0.33	0.61	0.40	0.412
D3	?	34745:4119_CL3Contig1:f	0.15	0.08	0.23	0.55	0.63	0.61	0.59	0.42	0.408
D3	?	35142:22411_CL2Contig1:f	0.38	0.35	0.46	0.10	0.70	0.17	0.56	0.53	0.406
D3	IRF9	859:23066_CL1Contig1:r	0.18	0.34	0.50	0.30	0.47	0.48	0.75	0.19	0.401
D3	CTSC	9044:8897_CL2Contig2:f	0.39	0.54	0.38	0.05	0.36	0.52	0.49	0.47	0.400
D3	UTP14A	6726:5073_CL2Contig2:f	0.19	0.16	0.27	0.35	0.39	0.76	0.36	0.69	0.396
D3	?	5859:43064_CL1Contig1:f	0.49	0.44	0.28	0.34	0.06	0.22	0.83	0.47	0.391
D3	CALM1	20332:12477_CL16Contig1:f	0.46	0.25	0.07	0.32	0.39	0.76	0.51	0.34	0.388
D3	CTSZ	2067:4082_CL1Contig1:f	0.49	0.30	0.14	0.32	0.29	0.48	0.68	0.33	0.380
D3	MAGOH	1857:5371_CL1Contig1:f	0.39	0.31	0.28	0.60	0.23	0.56	0.34	0.32	0.379
D3	PSMC2	10563:1272_CL6Contig2:f	0.24	0.28	0.27	0.61	0.23	0.74	0.23	0.39	0.374
D3	NMT1	5502:5664_CL2Contig1:r	0.39	0.26	0.23	0.32	0.54	0.67	0.37	0.03	0.352
D3	EMG1	18945:13931_CL1Contig1:f	0.46	0.35	0.33	0.15	0.60	0.28	0.32	0.32	0.351
D3	MAGT1	14978:12797_CL1Contig1:f	0.18	0.63	0.42	0.17	0.47	0.13	0.43	0.33	0.345
D3	?	1931:4170_CL1Contig1:r	0.58	0.02	0.29	0.30	0.66	0.35	0.34	0.21	0.343
D3	TRIAP1	3855:4227_CL1Contig1:f	0.19	0.47	0.51	0.28	0.03	0.25	0.58	0.40	0.339
D3	?	105:7681_6987102-A:f	0.21	0.38	0.25	0.09	0.51	0.34	0.62	0.29	0.336

D3	INTS10	8554:5056_CL1Contig1:r	0.22	0.30	0.01	0.40	0.49	0.52	0.31	0.43	0.335
D3	WT1	TC225866:f	0.08	0.48	0.21	0.34	0.46	0.34	0.51	0.25	0.334
D3	?	7502:12233_CL1Contig1:r	0.05	0.32	0.28	0.15	0.39	0.50	0.52	0.43	0.330
D3	IFITM1	8910:1902_CL2Contig1:f	0.33	0.25	0.19	0.35	0.54	0.28	0.52	0.15	0.327
D3	FAF2	12393:5299_CL1Contig2:f	0.37	0.22	0.71	0.12	0.39	0.18	0.28	0.34	0.326
D3	?	13164:19894_CL1Contig1:f	0.32	0.21	0.36	0.17	0.48	0.31	0.54	0.20	0.324
D3	MFSD1	35115:16741_CL1Contig1:r	0.22	0.43	0.50	-0.06	0.41	0.34	0.50	0.21	0.320
D3	GARS	13642:28531_CL1Contig1:f	0.23	0.34	0.09	0.35	0.17	0.64	0.51	0.22	0.319
D3	UBE2D3	11626:45360_CL28Contig5:f	0.41	0.23	0.19	0.23	0.23	0.65	0.29	0.30	0.316
D3	DHX9	32835:24039_49335854:f	0.17	0.33	0.12	0.22	0.44	0.49	0.32	0.34	0.304
D3	AHSA1	746:3156_CL1Contig1:r	0.48	0.04	0.20	0.32	0.24	0.50	0.43	0.19	0.300
D3	AHSA1	746:3156_CL1Contig1:r	0.48	0.04	0.20	0.32	0.24	0.50	0.43	0.19	0.300
D3	SKIV2L2	13410:30059_CL2Contig1:r	0.28	0.24	0.08	0.32	0.60	0.39	0.33	0.14	0.297
D3	E1F1B	6786:5901_CL2Contig1:r	0.24	0.24	0.11	0.12	0.44	0.34	0.36	0.21	0.258
D3	GSTM1	33801:32045_59789022:f	0.08	0.28	0.31	0.15	0.38	0.20	0.33	0.09	0.227
D3	NUDC	5872:6291_CL1Contig1:r	0.27	0.19	0.16	0.09	0.15	0.46	0.17	0.15	0.205
D3	RPS2	19808:37160_CL1Contig2:f	-0.29	0.03	0.05	-0.18	0.20	-0.03	-0.02	-0.08	-0.041
D3	HIG2	10316:28749_CL1Contig1:f	-0.11	-0.15	-0.07	-0.14	-0.12	-0.06	-0.12	-0.20	-0.121
D3	AGPAT1	7316:10997_CL2Contig1:f	-0.25	-0.11	-0.16	-0.21	-0.15	-0.09	-0.17	-0.13	-0.159
D3	?	14481:9281_CL1Contig3-B:f	-0.20	-0.14	-0.20	-0.23	-0.23	-0.11	-0.18	-0.06	-0.169
D3	?	34355:25020_34170673:f	-0.14	-0.14	-0.17	-0.24	-0.14	-0.13	-0.17	-0.23	-0.170
D3	PTOV1	4202:28684_CL1Contig2:f	-0.03	-0.13	-0.24	-0.17	-0.21	-0.20	-0.27	-0.14	-0.173
D3	?	31374:648_38008898:r	-0.24	-0.28	-0.17	-0.21	-0.06	-0.11	-0.20	-0.14	-0.175
D3	?	35230:45728_CL1Contig1:r	-0.25	-0.10	-0.23	-0.12	-0.21	-0.09	-0.19	-0.22	-0.176
D3	GPAA1	19267:27482_CL1Contig1:f	-0.31	-0.16	-0.21	-0.25	-0.18	-0.06	-0.07	-0.33	-0.197
D3	CLK3	6521:29470_CL2Contig1:r	-0.37	-0.07	-0.08	-0.23	-0.24	-0.16	-0.19	-0.26	-0.200
D3	WNT10B	11193:15065_37854987:r	-0.24	-0.31	-0.09	-0.28	-0.07	-0.09	-0.29	-0.24	-0.201
D3	ZFYVE20	17270:2712_CL1Contig1:f	-0.23	-0.13	-0.17	-0.11	-0.36	-0.22	-0.10	-0.30	-0.202
D3	?	30814:23093_CL1Contig1:r	-0.33	-0.26	-0.14	-0.20	-0.06	-0.20	-0.21	-0.25	-0.206
D3	SURF1	31892:22472_CL2Contig1:r	-0.34	-0.29	-0.09	-0.32	-0.23	-0.14	-0.15	-0.14	-0.212
D3	YPEL3	7983:672_CL1Contig1:r	-0.18	-0.17	-0.34	-0.32	-0.12	-0.20	-0.26	-0.12	-0.214
D3	BOP1	2535:7050_CL1Contig1:f	-0.13	-0.28	-0.22	-0.27	-0.13	-0.09	-0.40	-0.20	-0.215
D3	SLC7A4	3802:285_CL2Contig1:r	-0.13	-0.28	-0.23	-0.32	-0.17	-0.09	-0.31	-0.21	-0.217
D3	TTC28	31648:10140_15417420:r	-0.27	-0.23	-0.18	-0.21	-0.15	-0.24	-0.20	-0.27	-0.219
D3	HEATR3	4473:20739_CL1Contig1:f	-0.35	-0.22	-0.12	-0.30	-0.17	-0.19	-0.26	-0.17	-0.222
D3	PEAR1	681:45360_13308017:f	-0.18	-0.13	-0.23	-0.28	-0.33	-0.09	-0.15	-0.39	-0.222
D3	POU2F2	32181:679_CL2Contig3:f	-0.15	-0.25	-0.24	-0.33	-0.30	-0.18	-0.31	-0.03	-0.224
D3	HPS5	31634:32597_CL2Contig1:f	-0.25	-0.22	-0.38	-0.37	-0.11	-0.14	-0.12	-0.22	-0.227
D3	KRTAP26-1	34959:20855_CL1Contig1:f	-0.34	-0.15	-0.16	-0.34	-0.29	-0.07	-0.20	-0.27	-0.228
D3	ACYP2	32686:16833_CL2Contig1:f	-0.31	-0.14	-0.33	-0.25	-0.14	-0.20	-0.20	-0.27	-0.230
D3	Maea	20108:10796_49333718:f	-0.34	-0.18	-0.26	-0.23	-0.09	-0.35	-0.24	-0.18	-0.233
D3	PPYR1	NM_214243.1	-0.31	-0.17	-0.26	-0.14	-0.45	-0.08	-0.19	-0.27	-0.234
D3	TUSC4	6963:5479_CL1Contig1:r	-0.38	-0.44	-0.11	-0.22	-0.23	-0.09	-0.19	-0.22	-0.235
D3	MGAT2	1062:14596_CL1Contig1:r	-0.28	-0.33	-0.16	-0.43	-0.15	-0.13	-0.35	-0.10	-0.241
D3	PAFAH1B3	4108:4402_CL1Contig1:f	-0.35	-0.27	-0.35	-0.28	-0.11	-0.15	-0.23	-0.21	-0.244
D3	?	TC227969:f	-0.35	-0.21	-0.32	-0.31	-0.11	-0.13	-0.14	-0.43	-0.250
D3	?	3709:612_CL2Contig1:f	-0.22	-0.27	-0.23	-0.31	-0.24	-0.09	-0.37	-0.28	-0.251
D3	FANCG	12740:4366_CL1Contig1:r	-0.46	-0.32	-0.09	-0.19	-0.30	-0.21	-0.21	-0.25	-0.254
D3	SLC25A6	10120:44685_CL1Contig1:r	-0.52	-0.38	0.03	-0.35	-0.15	-0.15	-0.26	-0.27	-0.256
D3	CCL14	5039:117_59816503:f	-0.17	-0.29	-0.24	-0.41	-0.30	-0.08	-0.47	-0.15	-0.264

D3	FAM38A	4391:3956_CL1Contig2:f	-0.17	-0.33	-0.26	-0.50	-0.12	-0.15	-0.43	-0.17	-0.266
D3	?	33023:14347_41132320:f	-0.42	-0.12	-0.34	-0.39	-0.17	-0.28	-0.25	-0.17	-0.267
D3	COQ3	13077:4596_CL1Contig1:r	-0.43	-0.45	-0.26	-0.32	-0.23	-0.08	-0.15	-0.22	-0.267
D3	DDT	3719:15951_CL1Contig1:r	-0.47	-0.37	-0.24	-0.36	-0.12	-0.20	-0.14	-0.24	-0.268
D3	LAGE3	10197:28110_CL2Contig1:f	-0.32	-0.42	-0.24	-0.32	-0.11	-0.32	-0.04	-0.39	-0.270
D3	ZDHHC7	19468:2995_CL2Contig1:f	-0.48	-0.21	-0.10	-0.23	-0.38	-0.32	-0.09	-0.37	-0.272
D3	MRPL10	2307:12629_40481805:f	-0.32	-0.26	-0.42	-0.32	-0.21	-0.12	-0.14	-0.43	-0.278
D3	NCU-G1	9626:9953_CL1Contig2:r	-0.44	-0.14	-0.25	-0.16	-0.29	-0.10	-0.51	-0.34	-0.279
D3	?	TC214444:r	-0.45	-0.18	-0.50	-0.26	-0.12	-0.20	-0.15	-0.40	-0.282
D3	ZCCHC11	9334:4571_CL2Contig1:r	-0.46	-0.16	-0.46	-0.23	-0.12	-0.17	-0.29	-0.40	-0.286
D3	PDE9A	320:9677_CL1Contig2:f	-0.33	-0.35	-0.39	-0.26	-0.12	-0.40	-0.21	-0.25	-0.289
D3	LGALS3	18028:45360_CL20Contig2:f	-0.46	-0.07	-0.36	-0.31	-0.41	-0.46	-0.10	-0.22	-0.299
D3	MRPL12	4845:12239_CL1Contig1:r	-0.52	-0.37	-0.29	-0.16	-0.45	-0.24	-0.05	-0.34	-0.303
D3	LOC124761	TC200079:f	-0.40	-0.59	-0.32	-0.36	-0.17	-0.10	-0.21	-0.36	-0.315
D3	?	30412:15896_29287794:r	-0.59	-0.28	-0.41	-0.34	-0.22	-0.19	-0.06	-0.45	-0.318
D3	CFD	33620:45360_CL17Contig1:r	-0.46	-0.33	-0.27	-0.44	-0.36	-0.16	-0.11	-0.42	-0.319
D3	NME1	5360:7936_49324219:f	-0.29	-0.41	-0.34	-0.42	-0.32	-0.06	-0.39	-0.33	-0.319
D3	IRF2BP2	8590:4339_CL2Contig1:r	-0.52	-0.28	-0.26	-0.47	-0.17	-0.26	-0.35	-0.27	-0.322
D3	LRRC33	50:13512_CL2Contig1:r	-0.30	-0.43	-0.16	-0.23	-0.15	-0.21	-0.50	-0.64	-0.328
D3	POLR1D	1947:9392_CL1Contig1:r	-0.39	-0.59	-0.29	-0.38	-0.23	-0.27	-0.19	-0.33	-0.334
D3	SPATA4	TC203310:f	-0.38	-0.47	-0.23	-0.25	-0.59	-0.30	-0.20	-0.27	-0.336
D3	MGLL	19692:7083_CL1Contig1:r	-0.47	-0.26	-0.15	-0.32	-0.26	-0.51	-0.27	-0.45	-0.338
D3	ELMO3	4565:2475_CL1Contig1:f	-0.45	-0.26	-0.39	-0.41	-0.20	-0.28	-0.23	-0.57	-0.349
D3	GNAS	34382:41223_49345464:f	-0.51	-0.26	0.00	-0.44	-0.17	-0.52	-0.57	-0.39	-0.358
D3	?	12760:8055_CL1Contig1-B:f	-0.48	-0.45	-0.67	-0.40	-0.07	-0.18	-0.16	-0.48	-0.362
D3	?	33693:33866_21550555:r	-0.30	-0.76	-0.16	-0.49	-0.20	-0.35	-0.21	-0.56	-0.378
D3	ZNF251	19272:45360_CL174Contig1:f	-0.32	-0.74	-0.30	-0.37	-0.36	-0.19	-0.43	-0.41	-0.390
D3	?	TC202658:f	-0.54	-0.38	-0.75	-0.28	-0.60	-0.28	-0.11	-0.30	-0.405
D3	PNPLA3	11052:10135_CL2Contig1:r	-0.58	-0.47	-0.23	-0.05	-0.54	-0.27	-0.77	-0.59	-0.438
D3	?	17700:44684_CL1Contig1:f	-0.59	-0.68	-0.13	-0.47	-0.39	-0.43	-0.32	-0.53	-0.443
D3	S100A2	9662:10691_CL2Contig1:r	-0.57	-0.32	-0.28	-0.28	-0.42	-0.43	-0.56	-0.76	-0.453
D3	?	TC221562:f	-0.68	-0.42	-0.40	-0.51	-0.41	-0.34	-0.36	-0.59	-0.464
D3	RPL4	3869:4038_CL1Contig1:f	-0.46	-0.34	-0.18	-0.77	-0.25	-0.79	-0.56	-0.39	-0.467
D3	?	12044:42948_CL1Contig1:f	-0.60	-0.60	-0.17	-0.35	-0.39	-0.47	-0.46	-1.00	-0.505
D3	SMC6	13663:8276_CL1Contig2:f	-0.80	-0.71	-0.50	-0.43	-0.35	-0.17	-0.55	-0.53	-0.505
D3	CCL5	5041:117_CL4Contig1:r	-0.41	-0.82	-0.25	-0.42	-0.63	-0.73	-0.33	-0.45	-0.506
D3	LCK	5793:34974_CL2Contig1:r	-0.93	-0.34	-0.20	-0.50	-0.54	-0.55	-0.32	-0.82	-0.525
D3	HLA-DQB1	33766:10014_CL1Contig9:f	-0.78	-0.67	-0.37	-0.74	-0.18	-0.54	-0.35	-0.64	-0.534
D3	ARMC5	TC237859:f	-0.65	-0.49	-0.46	-0.44	-0.62	-0.35	-0.75	-0.57	-0.541
D3	JRKL	35254:45360_C0007758e03-7:f	-0.73	-0.95	-0.36	-0.58	-0.27	-0.60	-0.28	-0.56	-0.541
D3	ITGB1BP2	9955:11958_CL2Contig1:r	-0.63	-0.59	-0.72	-0.15	-0.96	-0.09	-0.55	-0.70	-0.549
D3	C10	10852:3860_CL1Contig1:r	-0.67	-1.14	-0.50	-0.53	-0.39	-0.26	-0.32	-0.64	-0.556
D3	MAL2	7165:1486_CL3Contig1:r	-1.04	-0.65	-0.44	-0.39	-0.23	-0.56	-0.64	-0.51	-0.558
D3	?	TC205504:f	-1.21	-0.23	-0.68	-0.60	-0.72	-0.60	-0.37	-0.28	-0.586
D3	RPS15	30798:10974_29278381:r	-0.80	-0.63	-0.60	-0.55	-0.36	-0.50	-0.51	-0.85	-0.600
D3	IVNS1ABP	34105:19113_CL2Contig1:f	-0.87	-0.96	-0.54	-0.38	-0.47	-0.51	-0.51	-0.58	-0.603
D3	SMAD2	7634:4329_CL3Contig1:r	-1.19	-0.53	-0.41	-0.65	-0.09	-0.56	-0.57	-0.85	-0.606
D3	HLA-DQA1	33905:2024_CL1Contig2:f	-1.00	-0.76	-0.22	-1.26	-0.44	-0.52	-0.65	-0.27	-0.640
D3	NAP1L1	11331:2100_CL1Contig2:r	-0.85	-0.23	-0.40	-0.96	-1.04	-0.97	-0.32	-0.51	-0.660
D3	?	TC203104:f	-0.98	-0.38	-0.79	-0.83	-0.62	-0.45	-0.42	-0.93	-0.675

## CFSV exacerbates IFN responses

P. Renson et al.

Vet. Res. (2010) 41:07

D3	MEF2C	TC228887:f	-0.66	-1.22	-0.86	-0.56	-0.49	-0.21	-0.33	-1.08	-0.676
D3	IL20RB	288:11045_CL1Contig1:f	-0.34	-0.68	-0.44	-1.16	-0.87	-0.89	-0.43	-0.72	-0.691
D3	LOC537469	TC222533:f	-1.10	-0.34	-0.92	-0.23	-1.17	-0.60	-1.14	-0.43	-0.741
D3	VIM	34633:45360_C0007745k17-7:f	-0.41	-0.89	-0.75	-1.45	-0.95	-0.96	-0.66	-0.88	-0.869
D3	CCL23	32200:6563_CL1Contig1:f	-0.31	-1.49	-0.65	-1.21	-1.49	-0.91	-0.21	-0.99	-0.908
D3	CYTB	TC205573:f	-1.15	-1.48	-1.39	-0.46	-1.67	-0.43	-0.78	-2.33	-1.211

Table S2. Genes which expression is modified during Paderborn infection compared to uninfected pigs. One-class SAM analysis. Values are log ratio of infected pig versus non infected pigs. DPI: Day Post Infection, Mean is the mean of the log ratio for the eight pigs (P1-P8).

DPI	Gene Name	Oligo ID	Pig Number								Mean
			P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	
D1	ISG15	3627:10624_CL1Contig1:r	0.24	1.77	0.36	2.73	2.06	0.69	0.25	1.41	1.189
D1	PTPRC	14197:22429_CL1Contig1:f	0.39	1.11	-0.15	1.23	1.31	1.07	1.74	1.57	1.034
D1	IFIT1	8190:4950_CL1Contig1:f	1.18	1.60	0.72	1.89	1.25	0.64	-0.58	0.86	0.945
D1	HSP90AB1	7216:6424_CL1Contig2:f	0.62	1.07	-0.01	1.50	1.04	0.36	0.97	1.15	0.837
D1	?	34842:45360_40467715:r	0.17	1.14	-0.19	0.64	1.82	0.78	0.35	1.52	0.778
D1	IGHA2	33067:15889_CL1Contig104:f	0.27	0.29	0.12	1.10	1.30	-0.09	0.99	1.15	0.641
D1	IGHA1	32774:15889_CL1Contig100:f	0.25	0.69	0.07	0.85	0.90	0.25	0.60	1.14	0.593
D1	PSMB8	NM_213935.1	0.23	0.45	0.07	0.54	0.61	0.01	0.43	0.86	0.400
D1	?	32622:2512_CL3Contig1:f	0.27	0.24	0.18	0.44	0.45	0.13	0.37	0.43	0.314
D1	CD97	18993:21836_CL1Contig1:f	0.22	0.36	0.17	0.54	0.28	0.17	0.13	0.23	0.263
D1	CLDN2	10222:3846_CL9Contig1:f	-0.14	-0.27	-0.17	-0.14	-0.32	-0.07	-0.27	-0.34	-0.215
D1	?	12044:42948_CL1Contig1:f	-0.23	-0.10	-0.48	-0.21	-0.19	-0.33	-0.26	-0.17	-0.246
D1	C12orf51	3649:31482_CL1Contig1:f	-0.21	-0.48	-0.18	-0.31	-0.01	-0.48	-0.30	-0.16	-0.265
D1	HBXIP	31131:21063_CL1Contig2:f	-0.38	-0.34	-0.43	-0.10	-0.17	-0.44	-0.29	-0.01	-0.270
D1	TLE2	12285:6309_CL2Contig1:r	-0.25	-0.48	-0.15	-0.42	-0.12	-0.34	-0.14	-0.27	-0.272
D1	UCHL3	TC207638:f	-0.38	-0.46	-0.29	-0.10	-0.05	-0.58	-0.26	-0.14	-0.283
D1	GJA4	18902:5411_CL1Contig1:r	-0.26	-0.19	-0.20	-0.41	-0.33	-0.30	-0.19	-0.39	-0.284
D1	HS6ST2	18459:4244_CL1Contig1:r	-0.30	-0.40	-0.20	-0.31	-0.62	-0.07	-0.19	-0.29	-0.298
D1	TLK1	6022:2661_34159198:f	-0.18	-0.53	-0.28	-0.17	-0.30	-0.39	0.03	-0.57	-0.299
D1	AR	15027:2453_CL2Contig1:f	-0.30	-0.49	-0.40	-0.34	-0.15	-0.45	-0.07	-0.23	-0.303
D1	C10	10852:3860_CL1Contig1:r	-0.42	-0.59	-0.27	-0.11	-0.17	-0.28	-0.53	-0.09	-0.308
D1	?	12209:22662_CL1Contig1:f	-0.35	-0.54	-0.41	-0.20	-0.23	-0.34	-0.16	-0.27	-0.311
D1	SEPX1	19810:7965_CL1Contig1:r	-0.14	-0.53	-0.14	-0.43	-0.27	-0.28	-0.21	-0.51	-0.313
D1	?	750:14217_CL1Contig1:r	-0.52	-0.36	-0.44	-0.17	-0.23	-0.60	-0.10	-0.09	-0.314
D1	ART1	19045:17204_CL2Contig1:f	-0.29	-0.32	-0.13	-0.31	-0.70	-0.45	0.05	-0.45	-0.325
D1	UQCR	12443:7449_CL1Contig1:r	-0.49	-0.30	-0.46	-0.23	-0.55	-0.24	-0.31	-0.11	-0.336
D1	DPY30	34347:6517_CL1Contig1:r	-0.31	-0.55	-0.30	-0.20	-0.49	-0.73	-0.07	-0.06	-0.339
D1	PTPN18	5951:4199_CL9Contig1:f	-0.61	-0.55	-0.45	-0.07	-0.27	-0.48	-0.26	-0.03	-0.340
D1	LMOD1	16805:36306_C0007306k12-7:f	-0.17	-0.02	-0.37	-0.47	-0.38	-0.49	-0.30	-0.53	-0.341
D1	KLRD1	33849:45360_CL788Contig1:r	-0.51	-0.33	-0.20	-0.34	-0.17	-0.56	-0.46	-0.17	-0.343
D1	YTHDF2	5832:21261_CL1Contig1:r	-0.29	-0.38	-0.64	-0.23	-0.33	-0.57	-0.34	0.02	-0.345
D1	S100A8	9816:28594_CL1Contig1:r	-0.28	-0.40	-0.67	0.01	-0.31	-0.53	-0.13	-0.48	-0.349
D1	ERH	35356:3425_6962127:r	-0.24	-0.49	-0.46	-0.24	0.03	-0.66	-0.29	-0.47	-0.352
D1	PCBD2	11771:7173_CL1Contig1:r	-0.55	-0.50	-0.24	-0.21	-0.25	-0.48	-0.47	-0.13	-0.354
D1	BNC2	14934:3523_37978512:r	-0.05	-0.63	-0.40	-0.59	-0.30	-0.36	0.01	-0.51	-0.354
D1	EXOSC8	1928:4887_CL1Contig1:r	-0.39	-0.41	-0.52	-0.36	-0.32	-0.77	-0.19	0.10	-0.357
D1	ITGB1BP2	9955:11958_CL2Contig1:r	-0.35	-0.25	-0.39	-0.54	-0.16	-0.76	-0.26	-0.21	-0.366
D1	?	TC207758:f	-0.30	-0.74	-0.04	-0.39	-0.21	-0.82	-0.03	-0.46	-0.374
D1	?	30496:28608_CL2Contig1:f	-0.81	-0.69	-0.43	0.00	-0.33	-0.31	-0.24	-0.31	-0.390
D1	S100A6	9665:21623_CL1Contig2:f	-0.58	-0.67	-0.43	-0.41	-0.52	-0.50	-0.01	-0.15	-0.409
D1	?	TC203544:f	-0.23	-0.84	-0.69	-0.50	0.04	-0.67	-0.23	-0.21	-0.416

D1	RHOQ	18543:2876_CL6Contig1:f	-0.48	-0.51	-0.28	-0.41	-0.23	-0.90	-0.54	-0.16	-0.439
D1	UQCRB	32094:2514_CL1Contig2:f	-0.57	-0.82	-0.37	-0.53	-0.40	-0.80	0.06	-0.09	-0.440
D1	MRPL52	18510:26326_CL1Contig1:f	-0.82	-0.46	-0.59	-0.06	-0.34	-0.52	-0.81	0.07	-0.441
D1	?	TC222889:f	-0.53	-0.76	-0.38	-0.37	-0.42	-0.79	-0.57	-0.03	-0.481
D1	CYTB	TC205573:f	-0.59	-1.52	-0.61	-1.23	-0.69	-1.43	-0.81	-0.11	-0.874
D2	IFIT3	19897:4950_CL3Contig1:f	0.34	3.26	2.21	3.05	1.55	2.05	2.75	1.17	2.047
D2	EPSTI1	1866:18535_CL1Contig1:f	0.31	3.35	1.51	2.41	1.83	1.85	1.94	0.68	1.735
D2	IFIH1	6041:45360_CL586Contig1:r	0.34	2.30	1.44	2.44	1.59	2.05	2.43	0.72	1.664
D2	CXCL10	11504:20822_CL1Contig1:f	0.11	2.75	1.05	3.40	1.19	1.68	2.52	0.47	1.646
D2	HERC5	10615:35840_CL7Contig1:r	0.33	2.87	1.26	2.36	1.33	1.91	2.08	0.76	1.612
D2	ISG20	NM_001005351.2	0.34	2.52	1.46	2.12	1.42	2.57	1.66	0.67	1.595
D2	OAS1	35129:6613_CL1Contig2:r	0.21	2.48	1.36	2.20	1.28	1.78	1.84	0.47	1.452
D2	XAF1	5248:36876_CL1Contig2:r	0.18	1.78	1.12	2.38	0.93	1.70	1.44	0.37	1.238
D2	HERC6	10616:35840_CL8Contig1:r	0.38	1.70	0.59	1.60	1.10	1.38	1.87	0.48	1.138
D2	GBP2	18272:28721_CL3Contig1:f	0.28	0.93	0.79	1.19	1.12	1.78	1.96	0.31	1.045
D2	FCGR1A	9778:5621_CL2Contig2:f	0.15	1.67	1.44	1.52	0.79	1.16	0.90	0.50	1.016
D2	NRG1	34465:6810_CL1Contig1:f	0.15	1.58	0.88	1.53	0.71	1.46	1.17	0.22	0.963
D2	UBE2L6	2914:3285_CL2Contig1:f	0.14	1.59	0.66	2.37	0.74	0.84	0.99	0.31	0.954
D2	CASP1	2787:12475_CL1Contig1:r	-0.28	1.73	0.93	1.53	0.84	1.40	1.23	-0.06	0.915
D2	NT5C3	10635:8497_CL2Contig1:f	0.53	0.42	-0.36	1.45	1.88	1.20	1.79	0.37	0.910
D2	CCL8	16011:7770_CL2Contig1:r	0.15	2.18	0.58	1.32	0.39	0.93	0.79	0.27	0.826
D2	HK3	19012:1489_CL2Contig1:f	0.23	1.30	1.37	0.86	0.86	0.93	0.96	-0.11	0.800
D2	SLPI	34082:45360_49413351:f	0.09	0.86	0.43	0.99	0.26	1.75	1.41	0.58	0.797
D2	SLC25A28	8246:7076_CL2Contig2:r	0.12	0.82	1.14	1.07	1.30	0.78	1.03	0.11	0.796
D2	STAT2	11310:15518_CL4Contig1:f	0.15	1.27	0.57	1.16	0.60	1.18	1.23	0.10	0.783
D2	PARP9	531:2579_CL1Contig1:r	0.25	0.99	0.68	0.86	0.59	1.15	1.05	0.62	0.774
D2	NMI	5976:15972_CL1Contig1:r	0.21	0.29	0.62	0.84	0.95	1.08	1.79	0.19	0.746
D2	USP18	15714:14279_CL1Contig1:r	-0.03	1.32	0.86	1.23	0.53	0.98	0.97	0.03	0.736
D2	PTPRC	14197:22429_CL1Contig1:f	0.28	0.40	1.09	0.74	1.37	0.02	1.44	0.37	0.714
D2	AIFM1	10133:45259_CL1Contig1:r	0.29	1.07	0.97	0.46	0.49	0.66	1.22	0.50	0.708
D2	DHRS3	3623:13909_CL1Contig1:r	0.10	0.67	0.72	0.93	0.53	0.89	1.29	0.50	0.704
D2	CASP4	2786:12475_CL2Contig1:r	0.19	0.84	0.72	0.89	0.26	1.11	1.22	0.40	0.704
D2	NAGK	1587:9230_CL1Contig2:f	0.28	1.48	1.16	1.14	0.44	0.38	0.34	0.27	0.686
D2	DNAJA1	11334:7676_CL1Contig3:r	0.01	0.96	0.42	0.78	0.61	0.96	1.51	0.11	0.670
D2	KLRF1	33260:45360_51353975:r	0.05	0.63	0.66	0.42	0.63	1.02	1.95	-0.02	0.668
D2	CLEC4E	478:45360_CL514Contig1:r	-0.10	0.08	1.04	0.71	1.09	1.32	1.13	-0.07	0.650
D2	PPA1	8677:421_CL1Contig1:f	0.18	0.45	0.66	0.60	0.99	1.12	0.81	0.28	0.636
D2	RHBDL1	19837:2976_CL1Contig1:r	0.16	1.17	0.82	0.84	0.36	0.51	0.87	0.27	0.624
D2	KYNU	31503:12219_CL1Contig1:f	-0.08	0.78	0.30	0.60	0.84	1.24	1.31	-0.12	0.609
D2	CLEC12A	10820:13877_40430145:r	0.18	0.52	0.18	1.55	1.03	0.51	0.55	0.33	0.606
D2	LAMP1	NM_001011507.1	0.29	0.73	0.77	1.16	0.64	0.31	0.50	0.39	0.599
D2	LGALS3BP	4877:7567_CL1Contig1:r	0.08	1.24	0.74	0.93	0.15	1.12	0.24	0.25	0.594
D2	GVIN1	30427:8351_CL3Contig1:f	0.31	0.85	0.05	0.42	0.77	0.63	1.19	0.27	0.561
D2	BID	10964:30404_CL1Contig2:r	0.24	1.09	0.69	0.78	0.36	0.59	0.50	0.24	0.561
D2	CCRL2	33938:16197_29279993:r	0.20	0.95	0.85	0.71	0.54	0.41	0.64	0.16	0.558
D2	TAP1	7079:45360_CL293Contig1:f	0.09	0.85	0.79	0.85	0.36	0.81	0.53	0.07	0.544
D2	PTPRM	1715:927_14657773:f	0.43	0.57	0.27	0.82	0.52	0.38	0.67	0.67	0.541
D2	TCF15	14592:4095_CL1Contig1:f	0.51	0.61	0.22	0.50	0.49	0.79	0.35	0.84	0.538
D2	GGH	13656:5720_CL1Contig1:f	0.26	1.06	0.34	0.88	0.54	0.20	0.60	0.37	0.530
D2	IRF7	8940:6822_CL1Contig1:f	0.11	1.07	0.85	0.88	0.43	0.39	0.61	-0.09	0.530

D2	IGHA1	32774:15889_CL1Contig100:f	0.09	0.79	0.86	0.85	0.38	0.53	0.50	0.11	0.513
D2	LAMP2	17879:1544_CL1Contig1:r	0.22	0.57	0.59	0.77	0.91	0.75	0.02	0.27	0.513
D2	PSMB8	NM_213935.1	0.00	0.88	0.43	0.74	0.50	0.43	1.14	-0.03	0.511
D2	PSMA5	9848:12850_CL1Contig1:r	-0.09	0.67	0.48	0.38	0.40	0.81	1.26	0.04	0.494
D2	IGHE	17231:17000_2149935:f	-0.06	0.63	0.52	0.93	0.59	0.37	0.73	0.04	0.470
D2	HIST1H2BM	7337:795_CL1Contig5:f	0.13	0.52	0.48	0.61	0.25	0.98	0.82	-0.06	0.466
D2	TRIM38	7353:45360_CL198Contig1:f	0.30	0.59	0.94	0.77	0.52	0.13	0.06	0.41	0.464
D2	FCN2	NM_214160.1	-0.10	0.67	0.73	0.70	0.53	0.55	0.78	-0.21	0.456
D2	UPF2	17816:40706_CL4Contig1:r	0.13	0.81	0.18	0.73	0.46	0.26	0.84	0.22	0.454
D2	DDX21	8651:9908_CL5Contig1:f	0.59	0.42	0.10	0.40	0.79	0.66	-0.16	0.80	0.450
D2	TCIRG1	8854:2312_CL1Contig1:f	-0.04	0.49	0.89	0.66	0.38	0.46	0.61	0.09	0.443
D2	TDRD7	12815:2278_CL1Contig1:f	0.08	1.06	0.37	0.75	0.14	0.39	0.50	0.20	0.436
D2	YTHDC1	34503:4191_12008868:r	0.18	0.24	0.57	0.67	1.00	0.67	-0.19	0.32	0.433
D2	CA2	2584:32_CL4Contig1:f	0.35	0.46	0.19	0.64	0.74	0.14	0.50	0.37	0.423
D2	DID01	31647:6365_45845961:r	0.61	0.61	0.30	0.03	0.59	0.49	0.04	0.64	0.413
D2	MOV10	9861:11234_CL1Contig1:f	0.27	0.46	0.06	0.75	0.57	0.24	0.64	0.29	0.410
D2	?	105:7681_6987102-A:f	0.31	0.24	0.56	0.38	0.22	0.61	0.52	0.44	0.410
D2	PPAPDC2	12698:9361_CL1Contig1:r	0.65	0.34	0.28	-0.07	0.36	0.71	0.27	0.67	0.401
D2	IFI6	6641:21023_CL1Contig1:r	0.23	0.71	0.82	0.56	0.13	0.20	0.24	0.32	0.401
D2	DHRS9	16461:7936_CL27Contig1:f	0.18	0.84	0.20	0.71	0.50	0.18	0.25	0.31	0.397
D2	HSP90AB1	7216:6424_CL1Contig1:f	0.37	0.28	0.28	1.02	0.64	0.07	0.11	0.33	0.388
D2	SST	95:7669_CL1Contig1:f	0.51	0.50	0.24	0.18	0.56	0.45	0.00	0.64	0.384
D2	?	15587:18889_37854778:r	0.61	0.38	0.18	0.07	0.54	0.44	-0.05	0.89	0.382
D2	GP2	16929:3887_CL1Contig1:f	0.63	0.38	0.28	0.01	0.42	0.73	-0.09	0.69	0.381
D2	CTSZ	2067:4082_CL1Contig1:f	0.18	0.46	0.70	0.75	0.57	0.33	-0.13	0.19	0.381
D2	PRKDC	34305:27767_8275029:f	0.67	0.45	0.41	0.06	0.64	0.21	-0.02	0.61	0.379
D2	?	34546:45360_40406079:f	-0.10	0.54	0.18	0.49	0.67	0.66	0.53	0.01	0.373
D2	KLHL5	31292:5715_49324609:f	0.33	0.52	0.10	0.42	0.15	0.51	0.20	0.72	0.369
D2	USP25	16488:863_CL1Contig2:r	-0.03	0.84	0.32	0.49	0.14	0.42	0.58	0.14	0.363
D2	ANG	942:12701_CL3Contig1:r	0.34	0.39	-0.13	0.40	0.11	0.67	0.52	0.57	0.359
D2	FCN1	1528:45360_CL38Contig2:r	0.16	0.50	0.79	0.20	0.13	0.28	0.73	0.08	0.358
D2	NCF2	3278:8445_CL1Contig1:f	0.39	0.24	0.28	0.14	0.49	0.52	0.50	0.29	0.356
D2	IGKC	33739:15889_CL6Contig6:f	0.11	0.45	0.24	0.71	0.47	0.44	0.09	0.22	0.342
D2	OPTN	13759:11780_CL1Contig1:r	0.20	0.15	0.33	0.28	0.42	0.73	0.30	0.17	0.323
D2	CYB5B	4399:7124_CL3Contig1:r	0.52	0.35	0.26	0.21	0.52	0.37	-0.08	0.43	0.322
D2	EMG1	18945:13931_CL1Contig1:f	0.17	0.32	0.46	0.39	0.24	0.30	0.59	0.09	0.320
D2	SLC35D1	13520:4395_40427761:f	0.48	0.27	0.24	0.35	0.07	0.26	0.25	0.64	0.320
D2	AP2S1	4148:8745_CL1Contig1:r	0.29	0.46	0.38	0.43	0.06	0.16	0.09	0.66	0.316
D2	PFDN6	19735:7552_CL1Contig1:r	0.19	0.40	0.41	0.50	0.21	-0.09	0.38	0.46	0.308
D2	IGF2	8905:6608_CL1Contig1:r	0.29	0.23	0.08	0.39	0.32	0.66	-0.03	0.49	0.303
D2	TSSC1	16909:18885_CL1Contig1:r	0.46	0.30	0.22	0.33	0.04	0.16	0.23	0.69	0.303
D2	CFLAR	16700:38522_CL1Contig2:r	0.37	0.17	0.18	0.33	0.54	0.13	0.37	0.32	0.301
D2	CCND2	10888:6162_CL2Contig1:r	0.16	0.45	0.63	0.26	0.11	0.46	0.12	0.10	0.285
D2	?	9096:16108_CL1Contig2:r	0.29	0.25	0.18	0.11	0.23	0.42	0.58	0.15	0.277
D2	H2AFJ	9321:45360_CL432Contig1:f	0.24	0.22	0.33	0.39	0.11	0.11	0.30	0.47	0.271
D2	SFRS9	3857:620_CL1Contig1:r	0.32	0.24	0.23	0.40	0.03	0.05	0.26	0.62	0.269
D2	ID11	2486:7000_CL1Contig2:r	0.19	0.32	-0.07	0.49	0.28	0.39	0.18	0.34	0.265
D2	FAF2	12393:5299_CL1Contig2:f	0.29	0.36	-0.02	0.36	0.14	0.42	0.09	0.40	0.254
D2	FES	19663:34974_CL22Contig1:f	0.04	0.26	0.55	0.18	0.18	0.35	0.29	0.12	0.246
D2	UBE2V1	2303:40273_CL3Contig1:f	0.03	0.24	0.09	0.38	0.26	0.37	0.26	0.34	0.246

D2	IPO4	857:15522_CL1Contig4:f	0.21	0.36	0.42	0.14	0.17	0.43	-0.01	0.23	0.243
D2	PDE4A	12139:2625_CL3Contig1:r	0.39	0.36	0.31	0.14	0.19	0.33	0.03	0.16	0.237
D2	CGI-140	12076:7161_CL1Contig1:f	0.28	0.08	0.27	0.22	0.07	0.15	0.38	0.31	0.220
D2	SH3GL1	12240:183_CL1Contig2:f	0.28	0.38	0.13	0.24	0.04	0.20	0.08	0.39	0.216
D2	PILRA	8059:10630_CL1Contig2:f	0.23	0.32	0.23	0.21	0.29	0.34	0.00	0.11	0.216
D2	TMED4	10258:4658_CL1Contig4:r	0.19	0.22	0.12	0.26	0.21	0.30	0.21	0.22	0.215
D2	STARD5	6493:41734_CL1Contig1:r	0.34	0.28	0.26	0.28	0.17	0.15	0.01	0.24	0.215
D2	?	8761:32575_CL10Contig1:r	0.25	-0.03	0.15	0.33	0.31	0.30	0.12	0.28	0.213
D2	CD68	5093:18777_8275319:r	0.11	0.36	0.06	0.17	0.27	0.26	0.20	0.25	0.210
D2	?	16411:27858_CL1Contig2:f	0.22	0.28	0.25	0.17	0.25	0.35	0.13	0.03	0.209
D2	ROBLD3	9635:37619_CL1Contig1:r	0.24	0.06	0.04	0.20	0.22	0.19	0.40	0.24	0.198
D2	YIPF4	1388:15140_CL1Contig1:f	0.24	0.26	0.24	0.26	0.11	-0.02	0.26	0.19	0.191
D2	NAGLU	5539:9811_CL1Contig1:f	0.14	0.18	0.10	0.20	0.25	0.24	0.27	0.13	0.188
D2	HBA2	7997:93_CL1Contig2:r	0.49	-0.91	-1.49	1.17	0.27	-0.82	-0.59	0.50	-0.173
D2	ACP1	16572:9139_CL1Contig1:r	-0.40	-0.22	-0.33	-0.25	-0.08	-0.33	-0.18	-0.41	-0.275
D2	KLHDC2	17402:17797_CL1Contig1:r	-0.44	-0.36	-0.44	-0.33	-0.15	-0.31	-0.03	-0.40	-0.308
D2	?	TC222889:f	-0.44	-0.08	-0.26	-0.60	-0.24	-0.50	-0.18	-0.38	-0.335
D2	ACTG1	30506:45360_CL1Contig23:f	-0.57	-0.29	-0.31	-0.25	-0.25	-0.14	-0.73	-0.39	-0.365
D2	HSD17B3	15834:1933_CL1Contig1:r	-0.30	-0.70	-0.51	-0.53	-0.15	-0.20	-0.76	-0.26	-0.425
D2	PSMB1	18421:11264_CL1Contig1:f	-0.38	-0.66	-0.40	-0.30	-0.46	-0.26	-0.55	-0.46	-0.434
D2	KLRD1	33849:45360_CL788Contig1:r	-0.22	-0.81	-0.66	-1.38	-1.12	-0.70	-0.29	-0.21	-0.674
D2	STARD8	14276:5473_CL2Contig1:f	-0.32	-1.39	-0.96	-0.77	-0.26	-0.20	-1.37	-0.39	-0.707
D2	?	TC234527:f	-0.39	-1.08	-1.35	-1.71	-1.07	-1.19	-0.44	-0.37	-0.950
D2	KLRK1	30875:45360_CL723Contig1:f	-0.21	-2.12	-1.08	-1.94	-2.01	-0.97	-0.67	-0.36	-1.170
D3	CXCL10	11504:20822_CL1Contig1:f	1.46	1.68	0.53	2.59	2.10	1.80	2.25	3.12	1.941
D3	IFIT3	19897:4950_CL3Contig1:f	1.27	1.66	0.47	1.74	1.75	1.49	2.30	3.44	1.765
D3	IFIH1	6041:45360_CL586Contig1:r	0.61	1.57	0.22	1.89	1.24	1.80	2.29	2.49	1.513
D3	OAS1	30554:6613_CL1Contig1:r	1.69	1.36	0.89	0.98	1.74	1.41	0.82	3.19	1.510
D3	ISG20	NM_001005351.2	1.53	1.32	0.80	1.29	2.49	0.52	1.49	2.63	1.509
D3	XAF1	5248:36876_CL1Contig2:r	1.12	1.36	0.77	1.04	1.52	1.49	1.36	3.11	1.472
D3	EPSTI1	1866:18535_CL1Contig1:f	0.85	1.48	0.21	1.52	1.21	1.80	1.89	2.35	1.413
D3	HERC5	10615:35840_CL7Contig1:r	0.93	1.51	0.23	1.47	1.40	2.00	1.60	1.90	1.380
D3	IFIT1	8190:4950_CL1Contig1:f	2.24	0.40	0.91	0.55	1.40	1.40	0.14	2.20	1.154
D3	FCGR1A	9778:5621_CL2Contig2:f	0.72	0.76	0.08	1.33	1.23	1.14	1.35	2.58	1.149
D3	CLEC12A	10820:13877_40430145:r	0.21	1.28	-0.12	1.51	0.63	0.61	1.82	1.39	0.916
D3	SLPI	34082:45360_49413351:f	0.80	0.78	0.17	0.92	0.40	1.57	0.73	1.85	0.903
D3	NRG1	34465:6810_CL1Contig1:f	0.52	0.47	-0.01	0.96	1.20	1.27	0.79	2.00	0.900
D3	HERC6	10616:35840_CL8Contig1:r	0.42	1.03	0.28	1.48	0.70	0.89	1.06	0.82	0.835
D3	NT5C3	10635:8497_CL2Contig1:f	0.48	1.12	0.13	1.45	0.08	1.12	1.78	0.24	0.800
D3	DHRS3	3623:13909_CL1Contig1:r	0.63	0.46	0.10	0.69	0.71	0.91	0.79	1.98	0.784
D3	RHBDL1	19837:2976_CL1Contig1:r	0.59	0.38	0.31	0.69	0.65	1.03	0.62	1.96	0.778
D3	GBP2	18272:28721_CL3Contig1:f	0.34	0.97	-0.18	1.15	0.19	1.11	1.30	1.07	0.744
D3	CCRL2	33938:16197_29279993:r	0.54	0.74	0.33	0.61	0.85	0.78	0.70	1.25	0.725
D3	KLRF1	33260:45360_51353975:r	0.33	0.65	-0.21	0.74	0.74	1.00	1.29	0.96	0.688
D3	CASP1	2787:12475_CL1Contig1:r	0.33	0.27	-0.12	0.99	0.62	0.61	0.97	1.75	0.678
D3	NMI	5976:15972_CL1Contig1:r	0.26	0.90	-0.21	0.54	0.36	1.88	0.43	0.93	0.637
D3	HSPA8	3086:24927_CL1Contig2:f	0.27	0.37	0.10	0.64	0.69	0.57	0.99	1.17	0.600
D3	STAT2	11310:15518_CL4Contig1:f	0.24	0.66	0.09	0.70	0.37	0.68	1.03	0.89	0.582
D3	CCL8	16011:7770_CL2Contig1:r	0.48	0.74	0.21	0.82	0.80	0.46	0.17	0.90	0.573
D3	PPA1	8677:421_CL1Contig1:f	0.23	0.61	0.00	0.88	0.30	0.84	1.06	0.66	0.573

D3	UBD	17129:32384_CL0007748o16-3:r	1.10	0.62	-0.02	0.47	0.13	0.67	0.15	1.39	0.563
D3	LGALS3BP	4877:7567_CL1Contig1:r	0.69	0.38	0.20	0.21	1.18	0.37	0.43	0.99	0.556
D3	PARP9	531:2579_CL1Contig1:r	0.47	0.42	0.40	0.44	0.55	0.74	0.79	0.57	0.548
D3	GBP1	13822:28721_CL1Contig2:r	0.19	1.31	-0.01	0.76	0.03	0.60	1.06	0.42	0.545
D3	PHF11	17473:736_CL1Contig1:r	0.06	0.69	-0.06	0.75	0.66	0.69	0.77	0.66	0.528
D3	DHX32	8401:29708_CL2Contig1:r	0.14	0.19	0.08	0.66	0.74	0.75	0.93	0.49	0.498
D3	IFI6	6641:21023_CL1Contig1:r	0.52	0.45	0.28	0.27	0.76	0.23	0.39	0.92	0.478
D3	?	5853:563_CL1Contig4-B:f	0.13	0.38	0.18	0.91	0.38	0.41	1.05	0.37	0.476
D3	?	9096:16108_CL1Contig2:r	0.05	0.85	0.28	0.36	0.42	0.46	0.40	0.59	0.427
D3	HSH2D	11991:15444_CL1Contig1:r	0.21	0.38	0.13	0.65	0.33	0.56	0.49	0.63	0.423
D3	GABBR1	7329:32384_CL1Contig1:f	0.30	0.64	-0.01	0.43	0.16	0.41	0.84	0.60	0.421
D3	GVIN1	30427:8351_CL3Contig1:f	0.08	0.80	0.11	0.54	0.16	0.37	0.70	0.43	0.399
D3	CLIC2	17015:20095_CL2Contig1:r	0.11	0.32	0.21	0.33	0.29	0.30	0.47	0.46	0.312
D3	UBE2V1	2303:40273_CL3Contig1:f	0.32	0.27	0.27	0.47	0.19	0.20	0.37	0.31	0.300
D3	SERBP1	12626:4853_CL1Contig3:f	0.44	0.66	0.17	-0.41	-0.18	-0.50	-0.07	-0.64	-0.065
D3	HLA-DQA1	33905:2024_CL1Contig2:f	-0.20	0.10	-0.15	0.24	-0.56	0.24	-0.17	-0.19	-0.086
D3	RPL7A	20270:44862_CL2Contig4:r	-0.07	-0.07	0.03	-0.06	-0.23	-0.16	-0.23	-0.05	-0.105
D3	PLP2	18920:6393_CL1Contig1:r	-0.32	-0.36	-0.16	-0.16	-0.14	-0.20	-0.30	-0.24	-0.235
D3	NEDD1	11383:29158_CL1Contig1:r	-0.29	-0.30	-0.21	-0.15	-0.29	-0.21	-0.26	-0.23	-0.243
D3	NDFIP1	11811:28041_CL1Contig1:f	-0.22	-0.26	-0.24	-0.07	-0.32	-0.37	-0.26	-0.27	-0.251
D3	MDH1	1159:6981_CL1Contig2:r	-0.16	-0.17	-0.19	-0.25	-0.40	-0.35	-0.26	-0.31	-0.261
D3	FH	30562:6664_12012711:r	-0.34	-0.44	-0.26	-0.10	-0.24	-0.15	-0.13	-0.46	-0.265
D3	PLCB2	989:34663_CL3Contig1:r	-0.23	-0.34	-0.14	-0.25	-0.33	-0.32	-0.29	-0.23	-0.266
D3	ASCC2	TC222256:f	-0.26	-0.47	-0.23	-0.27	-0.22	-0.21	-0.34	-0.14	-0.268
D3	TUBB2A	19199:32245_CL1Contig1:f	-0.18	-0.33	-0.31	-0.31	-0.25	-0.15	-0.49	-0.13	-0.269
D3	PTPN18	5951:4199_CL9Contig1:f	-0.46	-0.44	-0.41	-0.12	-0.26	-0.06	-0.21	-0.24	-0.275
D3	FYN	13021:34974_CL4Contig1:r	-0.31	-0.36	-0.19	-0.18	-0.23	-0.12	-0.20	-0.62	-0.276
D3	RPL4	3869:4038_CL1Contig1:f	-0.16	-0.19	-0.17	-0.32	-0.58	0.03	-0.59	-0.26	-0.280
D3	CCNI	11489:1825_CL1Contig1:f	-0.20	-0.16	-0.20	-0.20	-0.44	-0.42	-0.52	-0.14	-0.284
D3	CTSH	6481:2503_CL3Contig1:f	-0.29	-0.41	-0.17	-0.27	-0.02	-0.44	-0.39	-0.29	-0.285
D3	HMG1	15635:41937_CL1Contig1:r	-0.28	-0.31	-0.32	-0.04	-0.26	-0.64	-0.24	-0.21	-0.288
D3	?	33521:12989_CL1Contig1:r	-0.37	-0.22	-0.35	0.07	-0.29	-0.60	-0.33	-0.29	-0.297
D3	MRPL10	2307:12629_40481805:f	-0.32	-0.42	-0.36	-0.04	-0.25	-0.30	-0.23	-0.49	-0.301
D3	ARRB2	13281:1924_CL1Contig1:f	-0.13	-0.31	-0.12	-0.22	-0.27	-0.34	-0.40	-0.66	-0.306
D3	NDUFA1	13868:10166_CL1Contig1:f	-0.25	-0.68	-0.35	-0.44	-0.32	-0.17	-0.20	-0.04	-0.306
D3	FAM43A	TC224947:f	-0.19	-0.47	-0.11	-0.53	-0.23	-0.45	-0.27	-0.20	-0.306
D3	POLR1D	1947:9392_CL1Contig1:r	-0.22	-0.31	-0.21	-0.29	-0.25	-0.47	-0.46	-0.24	-0.307
D3	TUBGCP2	19912:2441_CL1Contig1:r	-0.17	-0.41	-0.18	-0.20	-0.30	-0.40	-0.49	-0.31	-0.308
D3	DUT	583:146_CL1Contig2:r	-0.37	-0.34	-0.37	-0.15	-0.26	-0.54	-0.30	-0.16	-0.312
D3	CORO1A	7966:1963_CL1Contig1:r	-0.17	-0.23	-0.18	-0.43	-0.26	-0.57	-0.67	0.00	-0.314
D3	IL18	2976:6447_CL1Contig1:r	-0.30	-0.41	-0.36	-0.01	-0.61	-0.28	-0.50	-0.10	-0.321
D3	SCAND1	2170:45360_CL156Contig1:f	-0.36	-0.42	-0.29	-0.23	-0.41	-0.12	-0.31	-0.43	-0.321
D3	PRELID1	12345:18752_CL1Contig1:r	-0.24	-0.47	-0.25	-0.27	-0.27	-0.36	-0.30	-0.43	-0.324
D3	?	30496:28608_CL2Contig1:f	-0.64	-0.23	-0.40	-0.23	-0.26	0.09	-0.31	-0.62	-0.325
D3	TRIM28	4344:12045_CL1Contig3:f	-0.39	-0.50	-0.32	-0.20	-0.29	-0.61	-0.34	0.03	-0.327
D3	SFRS2	4936:45360_CL1Contig9:r	-0.21	-0.16	-0.13	-0.38	-0.41	-0.68	-0.43	-0.23	-0.329
D3	?	33693:33866_21550555:r	-0.20	-0.52	-0.11	-0.44	-0.13	-0.42	-0.60	-0.23	-0.331
D3	LCK	5793:34974_CL2Contig1:r	-0.10	-0.29	-0.31	-0.21	-0.55	-0.46	-0.36	-0.39	-0.334
D3	PCBD2	11771:7173_CL1Contig1:r	-0.42	-0.72	-0.39	0.04	-0.29	-0.14	-0.23	-0.53	-0.335
D3	HLA-DRB2	7270:10014_CL1Contig7:r	-0.16	-0.38	-0.14	-0.80	-0.53	-0.26	-0.07	-0.34	-0.336

D3	FGL2	10543:45360_CL68Contig1:f	-0.43	-0.77	-0.40	-0.16	-0.41	-0.33	-0.06	-0.17	-0.341
D3	GNG5	9234:7628_CL2Contig1:r	-0.37	-0.25	-0.47	-0.22	-0.49	-0.70	-0.09	-0.16	-0.343
D3	COX7A2L	30805:1267_59826587:f	-0.35	-0.22	-0.28	-0.10	-0.36	-0.84	-0.36	-0.27	-0.348
D3	EIF2S3	10056:8128_CL1Contig2:r	-0.27	-0.17	-0.29	-0.05	-0.86	-0.32	-0.23	-0.60	-0.349
D3	MYC	2625:16729_CL1Contig1:f	-0.16	-0.31	-0.16	-0.61	-0.57	-0.35	-0.39	-0.26	-0.351
D3	GNAS	14089:41223_CL1Contig5:f	-0.03	-0.40	-0.20	-0.25	-0.49	-0.62	-0.53	-0.30	-0.353
D3	HMGB1	16846:45360_40429211:f	-0.40	-0.42	-0.47	-0.21	-0.93	-0.18	-0.10	-0.11	-0.353
D3	?	TC206060:f	-0.40	-0.09	-0.39	-0.21	-0.93	-0.17	-0.14	-0.49	-0.353
D3	PSMA7	2060:12940_CL2Contig1:f	-0.26	-0.50	-0.46	-0.22	-0.31	-0.51	-0.39	-0.21	-0.357
D3	THEM2	7364:17573_CL1Contig1:r	-0.38	-0.60	-0.51	-0.05	-0.32	-0.25	-0.44	-0.33	-0.359
D3	ARPC5	16064:4911_CL2Contig1:r	-0.34	-0.24	-0.32	-0.10	-0.45	-0.76	-0.36	-0.31	-0.360
D3	RPL3	34362:7936_40394286:f	-0.33	-0.19	-0.06	-0.44	-0.08	-0.33	-0.97	-0.50	-0.362
D3	LPCAT3	20058:5817_CL1Contig1:r	-0.29	-0.53	-0.25	-0.23	-0.16	-0.68	-0.47	-0.31	-0.364
D3	CST7	2467:13124_CL2Contig1:r	-0.43	-0.54	-0.17	-0.31	-0.36	-0.33	-0.82	0.03	-0.366
D3	IVNS1ABP	34105:19113_CL2Contig1:f	-0.67	-0.24	-0.55	0.01	-0.70	-0.04	-0.13	-0.63	-0.369
D3	ACTG1	30506:45360_CL1Contig23:f	-0.25	-0.34	-0.16	-0.53	-0.26	-0.61	-0.67	-0.13	-0.369
D3	C10	10852:3860_CL1Contig1:r	-0.29	-0.71	-0.28	-0.38	-0.25	-0.15	-0.53	-0.37	-0.370
D3	HIGD2A	12390:15762_CL1Contig1:f	-0.30	-0.54	-0.27	-0.42	-0.11	-0.57	-0.46	-0.33	-0.375
D3	CARD6	13939:23132_CL2Contig1:r	-0.18	-0.54	-0.23	-0.64	-0.19	-0.58	-0.62	-0.11	-0.386
D3	PNPLA3	11052:10135_CL2Contig1:r	-0.29	-0.47	-0.23	-0.42	-0.22	-0.58	-0.40	-0.49	-0.388
D3	HMGN3	34028:24443_CL1Contig1:r	-0.36	-0.21	-0.34	-0.37	-0.70	-0.38	-0.27	-0.47	-0.388
D3	ZNF706	2768:1724_CL1Contig1:r	-0.34	-0.16	-0.42	-0.27	-0.77	-0.16	-0.33	-0.67	-0.390
D3	POLR2L	14433:11495_CL1Contig1:r	-0.31	-0.56	-0.20	-0.42	-0.22	-0.62	-0.54	-0.27	-0.393
D3	TRBC1	33998:15889_CL2Contig23:f	-0.17	-0.37	-0.09	-0.71	-0.37	-0.40	-0.64	-0.42	-0.396
D3	MRPS17	7914:44685_CL3Contig2:f	-0.43	-0.73	-0.30	-0.42	-0.38	-0.33	-0.56	-0.04	-0.399
D3	?	35239:650_9019662:f	-0.26	-0.46	-0.39	-0.37	-0.15	-0.89	-0.37	-0.33	-0.402
D3	SIPAL12	1313:3891_49352677:f	-0.29	-0.26	-0.10	-0.22	-0.63	-0.38	-0.53	-0.86	-0.409
D3	S100A4	9663:10691_37985407:f	-0.24	-0.82	-0.14	-0.34	-0.28	-0.25	-0.97	-0.31	-0.418
D3	CD69	10823:45360_C0007760d20-7:f	-0.29	-0.57	-0.33	-0.40	-0.77	-0.50	-0.46	-0.06	-0.423
D3	?	12044:42948_CL1Contig1:f	-0.19	-0.54	-0.19	-0.82	-0.45	-0.52	-0.37	-0.43	-0.439
D3	SLC25A6	10120:44685_CL1Contig1:r	-0.24	-0.70	-0.08	-0.59	-0.36	-0.48	-0.79	-0.34	-0.448
D3	?	TC202688:f	-0.56	-0.88	-0.39	-0.28	-0.89	0.08	-0.17	-0.50	-0.449
D3	CD74	11833:16274_CL1Contig2:r	-0.24	-0.47	-0.22	-0.50	-0.39	-0.67	-0.73	-0.46	-0.460
D3	ECHS1	19915:32175_CL1Contig2:r	-0.25	-0.73	-0.24	-0.44	-0.27	-0.70	-0.69	-0.36	-0.460
D3	CEBPD	17184:7423_CL1Contig3:f	-0.36	-0.97	-0.28	-0.45	-0.27	-0.76	-0.52	-0.16	-0.471
D3	ITGB1BP2	9955:11958_CL2Contig1:r	-0.48	-0.47	-0.58	-0.16	-0.60	-0.19	-0.47	-0.84	-0.474
D3	HLA-DQB1	33766:10014_CL1Contig9:f	-0.46	-0.52	-0.32	-0.44	-0.45	-0.38	-0.56	-0.74	-0.484
D3	HCST	30959:21243_CL1Contig1:f	-0.13	-0.58	-0.17	-0.94	-0.40	-0.94	-0.87	0.14	-0.487
D3	SMC6	13663:8276_CL1Contig2:f	-0.48	-0.52	-0.44	-0.69	-1.09	-0.01	-0.14	-0.54	-0.488
D3	IL20RB	288:11045_CL1Contig1:f	-0.27	-0.63	-0.33	-0.37	-0.50	-0.62	-0.72	-0.50	-0.492
D3	KLRD1	33849:45360_CL788Contig1:r	-0.47	-0.89	-0.40	-0.28	-0.86	-0.09	-0.66	-0.31	-0.495
D3	TMEM62	1011:15853_CL1Contig1:f	-0.23	-0.73	-0.07	-1.07	-0.55	-0.59	-0.63	-0.36	-0.530
D3	KLF2	30975:39719_CL1Contig1:r	-0.47	-0.66	-0.36	-0.64	-0.50	-0.55	-1.05	-0.04	-0.534
D3	CROP	14556:14925_CL1Contig3:r	-0.55	-1.00	-0.42	-0.54	-1.01	-0.60	0.53	-0.77	-0.545
D3	CCL23	32200:6563_CL1Contig1:f	-0.51	-1.09	-0.20	-0.72	-0.34	-0.80	-0.80	-0.04	-0.563
D3	PDE4B	14679:2625_CL1Contig1:r	-0.50	-1.09	-0.39	-0.42	-1.09	-0.91	-0.20	-0.09	-0.586
D3	VIM	2392:45360_CL5Contig6:f	-0.32	-0.52	-0.37	-0.37	-0.74	-0.68	-0.67	-1.07	-0.592
D3	?	17700:44684_CL1Contig1:f	-0.48	-0.79	-0.50	-1.13	-0.43	-0.77	-0.21	-0.59	-0.612
D3	NDUFS2	TC218189:f	-0.61	-0.23	-0.61	-0.49	-1.28	-0.57	-0.09	-1.37	-0.656
D3	NAP1L1	11331:2100_CL1Contig2:r	-0.56	-0.60	-0.54	-0.34	-1.37	-0.61	-0.07	-1.22	-0.664

D3	CCL5	5041:117_CL4Contig1:r	-0.73	-1.44	-0.43	-0.97	-0.35	-1.19	-1.12	0.66	-0.696
D3	?	TC234527:f	-0.29	-0.89	-0.41	-1.50	-0.85	-0.62	-0.77	-0.96	-0.786
D3	KLRB1	18377:45360_CL1218Contig1:f	-0.28	-1.02	-0.32	-1.90	-1.28	-0.84	-1.25	-0.27	-0.895
D3	KLRK1	30875:45360_CL723Contig1:f	-0.47	-1.96	-0.44	-1.75	-1.49	-1.51	-1.43	-0.13	-1.147
D3	CYTB	TC205573:f	-0.92	-1.57	-0.65	-1.30	-1.45	-1.39	-2.03	-1.67	-1.373

Table S3. Genes which expression is modified during Eystrup infection compared to pigs infected by Paderborn. Two-class SAM analysis. Values are means of the log ratio for the eight pigs infected by Eystrup (E1-E8) or Paderborn (P1-P8) versus non infected pigs, DPI: Day Post Infection.

DPI	Gene Name	Gene ID	Mean Log Ratio	
			Eystrup	Paderborn
D1	EPSTI1	1866:18535_CL1Contig1:f	1.712	0.271
D1	IFIT3	19897:4950_CL3Contig1:f	1.633	0.370
D1	IFIH1	6041:45360_CL586Contig1:r	1.630	0.126
D1	HERC6	10616:35840_CL8Contig1:r	1.406	0.215
D1	GBP2	18272:28721_CL3Contig1:f	1.403	0.089
D1	GBP1	13822:28721_CL1Contig2:r	1.358	0.405
D1	ISG20	NM_001005351.2	1.276	0.080
D1	IFI44	16784:18661_CL2Contig1:r	1.243	0.197
D1	?	TC225837:f	1.154	0.051
D1	OAS1	35129:6613_CL1Contig2:r	1.080	0.238
D1	XAF1	5248:36876_CL1Contig2:r	1.058	0.244
D1	STAT2	11310:15518_CL4Contig1:f	1.050	0.200
D1	GVIN1	30427:8351_CL3Contig1:f	1.033	0.256
D1	NT5C3	10635:8497_CL2Contig1:f	1.002	0.311
D1	CASP1	2787:12475_CL1Contig1:r	0.948	0.206
D1	FCGR1B	9778:5621_CL2Contig2:f	0.920	0.148
D1	PARP9	531:2579_CL1Contig1:r	0.907	0.274
D1	NMI	5976:15972_CL1Contig1:r	0.900	-0.115
D1	NBN	2580:25557_CL1Contig1:f	0.896	-0.048
D1	DNAJA1	11334:7676_CL1Contig3:r	0.885	-0.013
D1	USP18	15714:14279_CL1Contig1:r	0.851	0.021
D1	PHF11	17473:736_CL1Contig1:r	0.837	0.236
D1	KYNU	31503:12219_CL1Contig1:f	0.828	0.001
D1	TRIM38	7353:45360_CL198Contig1:f	0.828	0.030
D1	GGH	13656:5720_CL1Contig1:f	0.788	0.010
D1	HK3	19012:1489_CL2Contig1:f	0.755	0.257
D1	LAMP2	17879:1544_CL1Contig1:r	0.752	0.131
D1	CD47	457:18584_51304632:r	0.730	-0.041
D1	CASP4	2786:12475_CL2Contig1:r	0.726	-0.028
D1	CYBA	TC205573:f	0.721	-0.874
D1	FLJ20487	9096:16108_CL1Contig2:r	0.720	0.202
D1	KLRF1	33260:45360_51353975:r	0.709	-0.293
D1	PSMA6	6559:7716_CL1Contig1:r	0.702	-0.020
D1	PPA1	8677:421_CL1Contig1:f	0.674	0.145
D1	BLNK	8193:9956_CL1Contig1:r	0.673	0.070
D1	CCRL2	33938:16197_29279993:r	0.669	0.124
D1	PSMA5	9848:12850_CL1Contig1:r	0.666	-0.008
D1	AIFM1	10133:45259_CL1Contig1:r	0.660	0.052
D1	RHBDL1	19837:2976_CL1Contig1:r	0.647	0.071
D1	HSH2D	11991:15444_CL1Contig1:r	0.645	0.116
D1	CNIH4	3402:15321_CL1Contig1:f	0.643	-0.045
D1	?	TC226654:f	0.632	0.189
D1	?	TC202102:f	0.630	-0.082
D1	?	TC208005:f	0.611	-0.082
D1	CD55	14560:9903_CL1Contig2:f	0.598	0.128
D1	?	TC237585:r	0.588	-0.225
D1	DHRS3	3623:13909_CL1Contig1:r	0.577	0.005
D1	ATG3	18012:13861_CL1Contig1:r	0.571	0.066
D1	IFI16	34125:3432_CL2Contig1:r	0.567	0.011
D1	DHX32	8401:29708_CL2Contig1:r	0.564	-0.026
D1	MAP2K1IP1	11644:10903_CL1Contig1:r	0.563	0.025
D1	WWP1	2590:15066_CL9Contig1:f	0.554	0.010
D1	JAK2	14121:25073_CL5Contig1:f	0.553	-0.018
D1	MRPL47	19071:3690_CL1Contig1:r	0.539	-0.140
D1	HEXB	31291:9150_6853856:r	0.531	-0.010
D1	C2orf12	13715:36977_CL1Contig1:r	0.510	-0.166
D1	GNG11	15175:5047_CL1Contig1:f	0.506	-0.314
D1	FBP1	17278:12319_CL1Contig1:r	0.504	-0.163
D1	?	TC227367:f	0.504	-0.002
D1	MRPL1	16190:11207_CL1Contig1:r	0.485	-0.065
D1	C15orf48	16107:23139_CL1Contig1:r	0.485	-0.065
D1	C7orf30	10510:14581_54512474:f	0.481	-0.213
D1	IRF7	8940:6822_CL1Contig1:f	0.477	0.081
D1	BANK1	14866:18098_CL1Contig1:f	0.473	-0.208
D1	TAP2	7077:45360_CL224Contig1:f	0.470	0.008

D1	?	TC207758:f	0.469	-0.322
D1	?	TC224301:f	0.459	0.075
D1	KIAA0368	12607:7684_CL1Contig1:r	0.459	-0.058
D1	GLRX2	3369:28267_CL1Contig1:f	0.458	-0.312
D1	TTF2	9813:7175_CL13Contig1:r	0.450	0.026
D1	Nat13	17327:16143_C0007741a12-7:f	0.439	0.047
D1	EIF2S1	31121:7073_40425587:f	0.434	0.073
D1	PLAC8	17585:4705_54527068:f	0.426	-0.020
D1	?	17879:1544_CL1Contig2-B:r	0.426	-0.021
D1	AIF1	19768:21656_CL1Contig2:f	0.425	-0.084
D1	SLC15A3	9063:4969_CL1Contig1:r	0.424	-0.043
D1	TDRD7	12815:2278_CL1Contig1:f	0.418	0.002
D1	Clorf160	5853:563_CL1Contig1:r	0.412	-0.041
D1	NEDD4L	15280:15066_CL3Contig1:r	0.412	-0.026
D1	PSMD14	14221:20614_CL1Contig1:r	0.388	-0.060
D1	ACTL6A	15092:15211_CL1Contig1:f	0.381	0.023
D1	GMPS	224:11111_CL1Contig1:f	0.376	-0.205
D1	SAP30L	18125:8055_CL1Contig2:r	0.373	-0.273
D1	NCF2	3278:8445_CL1Contig1:f	0.359	-0.107
D1	MED6	717:3349_CL1Contig1:r	0.356	-0.049
D1	SKP1A	11756:13902_CL1Contig1:r	0.351	-0.087
D1	NDUFA9	10902:7705_CL1Contig2:f	0.340	-0.040
D1	BDKRB2	32732:1906_15034450:f	0.339	0.004
D1	TMEM168	10593:2077_CL1Contig1:f	0.338	-0.045
D1	BRP44	15694:17980_CL1Contig1:r	0.336	-0.398
D1	Cl2orf45	31958:16486_CL1Contig1:f	0.325	-0.112
D1	SNRPD3	3772:13297_CL1Contig2:r	0.325	-0.030
D1	NUDT9	11538:8863_CL1Contig2:f	0.323	-0.231
D1	PSMA3	622:12850_CL2Contig2:f	0.318	-0.055
D1	TRDMT1	33326:8337_CL1Contig1:r	0.306	-0.163
D1	SKIV2L2	13410:30059_CL2Contig1:r	0.306	-0.006
D1	ARL1	11411:3458_CL5Contig1:f	0.301	-0.275
D1	DBF4	14287:1874_CL2Contig1:r	0.300	-0.043
D1	TEAD3	TC205153:f	0.297	-0.215
D1	TIFA	11598:3681_CL1Contig1:f	0.296	-0.026
D1	UCHL3	2007:936_CL2Contig1:r	0.294	-0.118
D1	HIST1H2BM	7331:795_CL1Contig6:f	0.280	-0.147
D1	TMEM126A	8946:1411_CL1Contig2:r	0.277	-0.194
D1	WARS	6352:23915_CL1Contig2:r	0.276	-0.001
D1	CPSF2	6611:3566_CL1Contig1:f	0.273	-0.091
D1	NDUFB6	12579:16659_CL1Contig1:r	0.271	-0.314
D1	SSBP1	2245:23746_CL1Contig1:f	0.261	-0.239
D1	POLR2K	2775:19486_CL1Contig1:r	0.258	-0.191
D1	LOC728350	32784:13007_CL1Contig2:r	0.255	-0.274
D1	SURB7	18237:3722_CL1Contig1:r	0.254	-0.234
D1	HBXIP	31131:21063_CL1Contig2:f	0.253	-0.282
D1	PRCP	33069:17107_7843324:f	0.253	-0.046
D1	ALG8	16046:5391_CL1Contig1:f	0.253	0.011
D1	PSMC2	10563:1272_CL6Contig2:f	0.241	-0.214
D1	?	TC208051:f	0.241	-0.210
D1	ZNF618	32604:12358_CL2Contig1:r	0.234	-0.048
D1	?	2743:22334_CL1Contig1:f	0.229	-0.117
D1	PTP4A2	11127:6394_CL1Contig1:f	0.215	-0.154
D1	MRPL19	1709:10072_CL1Contig1:r	0.213	-0.086
D1	PIN4	17648:9668_CL1Contig1:r	0.211	-0.181
D1	AKR1A1	13515:1001_CL2Contig1:r	0.205	-0.318
D1	PRDX4	10047:1766_CL4Contig1:r	0.201	-0.228
D1	MRPL35	1778:10151_CL1Contig1:r	0.195	-0.098
D1	RPS27L	1080:1292_CL2Contig1:r	0.184	-0.221
D1	ING3	15899:2515_CL4Contig1:f	0.181	-0.167
D1	?	TC223655:f	0.180	-0.175
D1	POMP	1931:4170_CL1Contig1:r	0.178	-0.301
D1	C8orf59	33130:14032_CL1Contig1:f	0.174	-0.364
D1	UBE2L3	3784:3285_CL1Contig1:r	0.165	-0.205
D1	TCP1	12928:45900_14305748:r	0.164	-0.250
D1	BNC2	14934:3523_37978512:r	0.164	-0.354
D1	NUP37	13161:15589_CL1Contig1:r	0.162	-0.186
D1	MRPL13	2606:18245_CL1Contig1:f	0.158	-0.241
D1	ATP5C1	2323:24161_CL1Contig1:r	0.158	-0.254
D1	XRN1	253:15386_CL2Contig1:f	0.157	-0.183
D1	TXNL5	5252:11730_CL1Contig1:r	0.156	-0.153
D1	CCT4	1150:48_CL2Contig1:r	0.156	-0.249
D1	EXOSC9	11673:5935_CL1Contig1:r	0.152	-0.111
D1	RHOQ	18543:2876_CL6Contig1:f	0.151	-0.451

D1	UCRC	3721:44889_CL1Contig2:f	0.149	-0.278
D1	C14orf111	697:7493_CL1Contig1:f	0.149	-0.206
D1	FMNL3	11175:1762_CL3Contig1:f	0.149	-0.106
D1	EIF2S2	2201:13007_CL1Contig1:r	0.148	-0.255
D1	EXOSC8	1928:4887_CL1Contig1:r	0.143	-0.375
D1	BXDC1	13025:2130_CL1Contig1:r	0.140	-0.275
D1	PTH2	18692:10575_CL1Contig1:r	0.133	-0.054
D1	NEIL2	12721:28383_CL1Contig1:r	0.129	-0.074
D1	ARHGDI1A	TC201186:f	0.119	-0.167
D1	PELO	14443:25500_CL2Contig1:r	0.111	-0.203
D1	PHF21A	2863:8732_CL1Contig1:f	0.106	-0.065
D1	SELI	31248:10436_15416015:f	0.105	-0.036
D1	TOM1L1	19078:851_CL2Contig1:f	0.093	-0.194
D1	Pelp1	30129:27513_46167899:r	0.083	-0.225
D1	AGK	10375:7496_CL1Contig1:f	0.081	-0.316
D1	KLRAQ1	1914:20443_CL1Contig1:r	0.075	-0.096
D1	S100A12	9817:11373_CL2Contig1:f	0.074	-0.288
D1	?	TC203544:f	0.063	-0.416
D1	SLC26A9	3386:38776_13309582:f	0.058	-0.094
D1	ADAM23	5646:1006_14658953:r	0.030	-0.197
D1	C19orf6	19000:6466_CL1Contig1:f	0.020	-0.223
D1	CSNK1E	10935:20913_CL5Contig1:r	0.018	-0.221
D1	DPY30	34347:6517_CL1Contig1:r	0.011	-0.339
D1	P117	12213:21141_CL1Contig1:f	0.008	-0.224
D1	NDUB5	12209:22662_CL1Contig1:f	0.001	-0.214
D1	NDUFS3	2878:14088_CL1Contig1:f	0.000	-0.256
D1	IFIT1	8190:4950_CL1Contig1:f	NA	1.016
D1	ECH1	4086:12880_CL1Contig1:r	-0.018	-0.262
D1	CLDN2	10222:3846_CL9Contig1:f	-0.023	-0.217
D1	PCBD2	11771:7173_CL1Contig1:r	-0.029	-0.354
D1	LOC339977	34074:4081_CL1Contig1:r	-0.054	-0.257
D1	PDE7A	TC225666:f	-0.121	0.345
D1	CD1A	NM_213831.1	-0.179	0.229
D1	ETS1	9043:32891_CL1Contig1:r	-0.181	0.344
D1	TRBC1	10395:15889_CL2Contig10:f	-0.213	0.160
D1	IL20RB	288:11045_CL1Contig1:f	-0.253	0.135
D1	FEM1B	812:14912_CL1Contig1:f	-0.269	0.064
D1	H1FX	6708:8258_CL1Contig2:r	-0.300	0.099
D1	NPG4	NM_213863.1	-0.337	0.007
D1	VIM	34633:45360_C0007745k17-7:f	-0.361	0.309
D1	CIRBP	33275:2811_37794796:f	-0.495	0.278
D1	CCL5	5041:117_CL4Contig1:r	-1.265	-0.289
D2	?	TC202102:f	-0.141	0.516
D2	AP2S1	4148:8745_CL1Contig1:r	-0.166	0.157
D2	PRCP	33069:17107_7843324:f	-0.193	0.168
D2	GNAI2	6955:652_CL1Contig1:f	-0.197	0.051
D2	?	34546:45360_40406079:f	-0.225	0.373
D2	?	15730:45360_11503123:f	-0.231	0.369
D2	MIG3	18691:24967_CL1Contig2:f	-0.259	0.040
D2	?	4205:45360_40392925:r	-0.268	0.058
D2	Gusb	33451:7418_40482422:f	-0.269	0.080
D2	?	34842:45360_40467715:r	-0.296	0.449
D2	?	35360:34607_21546426:f	-0.303	-0.039
D2	LY86	15147:29060_CL1Contig1:f	-0.325	0.104
D2	?	14322:45360_59807271:f	-0.327	0.153
D2	REV3L	30347:45360_C0007745h11-3:f	-0.340	0.439
D2	?	30182:16496_51348479:r	-0.340	0.266
D2	?	34860:45360_40472883:f	-0.341	0.205
D2	ZNF574	4100:20977_CL1Contig2:r	-0.343	-0.045
D2	HLA-DRA	34410:2024_CL2Contig1:f	-0.345	0.085
D2	MPP1	10175:1482_CL2Contig1:f	-0.363	0.123
D2	EEF1G	9118:5715_CL1Contig1:r	-0.363	-0.017
D2	?	TC236435:r	-0.373	0.036
D2	NDUFV2	TC206031:f	-0.378	0.530
D2	LOC643406	32989:45360_CL661Contig1:f	-0.381	0.094
D2	?	34656:45360_40829491:r	-0.388	0.027
D2	HLA-DMB	7088:15487_CL1Contig3:f	-0.391	0.170
D2	CD9	10868:1447_49347123:f	-0.398	0.110
D2	LOC389342	2307:12629_40481805:f	-0.406	-0.075
D2	BHLHE40	6835:4615_12008291:r	-0.407	-0.038
D2	?	34426:45360_59822504:f	-0.410	0.234
D2	?	TC210449:f	-0.417	0.189
D2	GNAS	14089:41223_CL1Contig5:f	-0.449	-0.021
D2	MIC1	31716:1836_CL1Contig1:f	-0.454	-0.026

D2	?	13504:24692_49339578:f	-0.466	-0.024
D2	CD74	11833:16274_CL1Contig2:r	-0.474	0.091
D2	C2orf29	16773:16113_CL1Contig1:f	-0.488	-0.063
D2	CEBPD	17184:7423_CL1Contig3:f	-0.544	-0.023
D2	HLA-DQB1	33766:10014_CL1Contig9:f	-0.556	-0.139
D2	Bem4613	35208:32698_51349760:r	-0.565	0.058
D2	LOC790592	TC203104:f	-0.567	0.149
D2	VIM	34633:45360_C0007745k17-7:f	-0.690	-0.098
D2	RPS3A	3813:7247_CL1Contig2:f	-0.716	-0.143
D2	IL20RB	288:11045_CL1Contig1:f	-0.773	-0.229
D2	MT-CYB	17635:20951_29287598:r	-0.949	-0.073
D3	Clorf54	9758:24019_CL1Contig1:r	1.223	0.242
D3	ANG	940:12701_CL1Contig1:f	1.188	0.510
D3	HSPA1A	19776:24927_CL3Contig3:r	1.174	0.010
D3	PPBP	11474:10930_CL2Contig1:f	1.173	0.019
D3	CLEC4E	478:45360_CL514Contig1:r	1.142	0.469
D3	AVIL	11348:3109_41138487:r	1.005	0.103
D3	LAMP2	17879:1544_CL1Contig1:r	0.973	0.395
D3	HK3	19012:1489_CL2Contig1:f	0.954	0.417
D3	IFI6	6641:21023_CL1Contig1:r	0.928	0.478
D3	PF4	11473:26685_CL1Contig1:f	0.894	-0.034
D3	DNAJA1	11334:7676_CL1Contig3:r	0.894	0.264
D3	?	TC238171:f	0.865	0.147
D3	?	TC226654:f	0.856	0.189
D3	CKB	32433:1243_CL1Contig1:f	0.855	0.076
D3	FLJ20487	9096:16108_CL1Contig2:r	0.851	0.459
D3	TPM4	11990:44862_CL3Contig1:r	0.831	0.141
D3	HSPB1	30978:621_CL1Contig1:f	0.828	0.016
D3	CCL3L1	19552:117_CL3Contig2:f	0.813	0.073
D3	LCN2	1412:20027_CL1Contig1:r	0.808	0.019
D3	ZCCHC6	30384:4571_CL1Contig1:r	0.780	0.205
D3	BIRC2	14134:6750_CL1Contig1:f	0.778	-0.058
D3	MGC7036	3943:35388_CL1Contig1:r	0.770	0.179
D3	PRDX6	3635:13625_CL1Contig1:r	0.746	0.001
D3	LDHA	8993:11016_CL2Contig1:f	0.734	-0.026
D3	HSP90B1	19037:6424_CL1Contig1:r	0.678	0.073
D3	HIST1H2BM	7331:795_CL1Contig6:f	0.635	0.168
D3	HMG17	5858:2829_4717223:f	0.630	0.028
D3	?	17255:2829_CL1Contig1:f	0.626	-0.008
D3	FYB	6243:19876_CL1Contig1:f	0.614	0.144
D3	PDIA4	10447:6018_CL1Contig1:f	0.601	0.035
D3	SAMSN1	403:2532_CL2Contig1:r	0.595	0.102
D3	HSP90AB1	7216:6424_CL1Contig2:f	0.576	-0.208
D3	CD69	10823:45360_C0007760d20-7:f	0.553	-0.395
D3	OPTN	13759:11780_CL1Contig1:r	0.528	0.219
D3	ADRA2B	TC230424:f	0.517	-0.046
D3	LAPTM4A	1303:7639_CL1Contig1:f	0.503	-0.006
D3	MOV10	9861:11234_CL1Contig1:f	0.500	0.134
D3	?	32927:43374_CL1Contig1:f	0.495	-0.023
D3	CCDC59	18953:27496_CL1Contig1:r	0.495	-0.002
D3	PTPN12	17725:4199_CL2Contig1:f	0.486	-0.125
D3	MAP2K1IP1	11644:10903_CL1Contig1:r	0.479	0.067
D3	HNRPA2B1	15708:45360_CL40Contig2:r	0.475	-0.088
D3	SELL	3457:7293_CL1Contig1:f	0.471	0.038
D3	NFKBIZ	1659:5625_49916839:r	0.465	0.046
D3	HSPA9	11795:24927_CL4Contig1:f	0.458	-0.065
D3	RHEB	20044:32199_CL5Contig1:r	0.456	0.053
D3	CFLAR	16700:38522_CL1Contig2:r	0.448	0.016
D3	ALDH2	3681:30973_CL3Contig1:f	0.436	-0.043
D3	MGST1	14055:37319_CL2Contig1:r	0.435	-0.139
D3	RBM39	2173:268_CL1Contig1:f	0.425	-0.078
D3	CTSC	9044:8897_CL2Contig2:f	0.400	-0.045
D3	GNG10	12609:7628_CL1Contig1:f	0.398	-0.154
D3	TIFA	11598:3681_CL1Contig1:f	0.397	0.054
D3	MAGOH	1857:5371_CL1Contig1:f	0.379	-0.188
D3	IL8	11476:10930_CL3Contig1:r	0.364	-0.005
D3	UBE2D3	11626:45360_CL28Contig5:f	0.316	0.016
D3	AHSA1	746:3156_CL1Contig1:r	0.300	-0.126
D3	Cl8orf21	7502:12233_CL1Contig1:r	0.294	-0.174
D3	CSDA	14155:2420_CL2Contig2:f	0.279	-0.030
D3	LOC647908	17271:32199_CL2Contig1:r	0.260	-0.261
D3	CCT2	11254:45900_CL3Contig1:r	0.260	-0.227
D3	EIF1B	6786:5901_CL2Contig1:r	0.258	-0.078
D3	IL2RG	13837:6174_CL1Contig1:r	0.245	-0.066

D3	PELO	14443:25500_CL2Contig1:r	0.238	-0.114
D3	PRKCQ	16653:38019_CL22Contig1:f	0.228	-0.068
D3	NUDC	5872:6291_CL1Contig1:r	0.228	-0.083
D3	SRI	10694:5644_CL1Contig1:f	0.226	-0.134
D3	SERPINE1	TC234683:f	0.209	-0.135
D3	BCL2L13	34829:3874_CL2Contig1:f	0.208	-0.032
D3	NCBP2	42:7386_CL1Contig1:f	0.207	-0.133
D3	YBX1	14534:2420_CL1Contig1:r	0.198	-0.254
D3	CALCOCO2	19595:8525_CL1Contig1:f	0.198	-0.066
D3	CCT7	1570:45900_CL2Contig1:r	0.189	-0.115
D3	HSP90AB3P	30593:6424_11502145:r	0.180	-0.077
D3	ST13	11013:8830_CL1Contig1:r	0.168	-0.223
D3	SERPINI1	198:752_CL11Contig1:f	0.166	-0.148
D3	HMGB2	12759:45360_C0007736c05-3:r	0.150	-0.176
D3	SERBP1	12626:4853_CL1Contig3:f	0.116	-0.264
D3	FAM62B	15202:30555_CL1Contig1:f	0.093	-0.199