

## Supplementary Figures

**Figure S1.** Microarray analysis of M21 and M21L cells grown in 2D and 3D-collagen tissue culture. Microarray data was analysed as for Figure 1. The following table shows the genes that constitute each microarray data category. Numbers are GCRMA-normalized log<sub>2</sub> expression values of biological triplicates (three separate experiments) for each condition. Each of the eight tables corresponds to one of the expression patterns in figure 1 A. The background colour of the gene symbol column corresponds to the colour-code of the pattern in figure 1 A. The background colours of first row of a table also shows the gene expression pattern with red indicating high relative expression and green low relative expression (similar to figure 1 A).

Pattern 1	M21L (av-)						M21 (av+)					
	2D			3D			2D			3D		
MAPRE1	10.06	10.33	9.98	9.63	9.57	9.55	9.27	9.33	9.40	8.71	8.82	8.44
ATP1B1	8.74	8.58	8.79	7.36	7.08	7.25	7.83	7.68	7.93	4.50	4.63	4.63
RAB32	7.47	7.24	7.54	6.21	6.62	6.40	6.45	6.49	6.74	5.12	5.41	5.40
MICALL1	5.42	5.51	5.72	4.55	4.83	4.93	4.68	4.90	4.88	4.03	3.88	3.92
FYN	8.02	8.37	8.06	7.59	7.45	7.26	6.06	6.51	6.56	5.83	5.53	5.58
ADRBK2	3.92	3.67	3.95	3.44	3.34	3.30	3.01	2.96	3.08	2.69	2.77	2.77
SOHLH2	8.91	8.83	8.68	8.15	8.14	8.41	7.56	7.63	7.78	7.40	7.41	7.32
PDE4DIP	7.92	8.41	7.64	7.04	7.39	6.61	5.85	5.81	6.26	4.72	4.78	4.67
KIF3C	5.11	5.12	5.27	4.17	4.13	4.15	4.23	4.44	4.59	3.45	3.50	3.40
CAP2	7.49	7.33	7.08	6.33	6.27	5.93	5.75	6.26	5.91	4.78	4.79	4.49
DBN1	6.30	6.27	6.10	5.65	5.63	5.52	5.11	5.12	5.32	4.90	5.16	5.01
GSS	8.49	8.60	8.90	6.83	6.78	6.23	7.70	7.64	7.63	6.36	6.37	5.78
TRAK2	7.82	7.89	7.65	4.00	4.51	3.60	6.71	6.81	6.37	3.68	3.62	3.44
ADAM23	4.83	5.63	5.01	3.41	3.64	3.38	3.64	3.61	3.63	2.61	2.83	2.92

PREP	6.50	6.63	6.86	5.70	5.32	5.72	4.83	4.88	5.13	4.36	4.10	4.13
G6PD	6.95	7.13	7.08	6.04	5.75	5.76	5.84	5.61	5.74	4.95	4.92	4.87
MICALL1	7.40	7.25	6.99	5.59	5.29	5.34	5.65	5.81	6.05	4.98	4.51	4.47
SYK	5.47	5.25	5.16	3.98	3.48	3.79	3.74	4.19	3.88	3.15	3.04	3.29
RNGTT	5.76	5.90	5.38	4.04	3.84	3.80	4.33	4.59	4.54	3.79	3.88	3.96
PLAT	8.35	8.81	8.76	5.54	5.34	5.29	6.83	6.46	7.34	5.36	4.48	4.24
MBP	6.25	6.15	6.50	4.42	4.61	4.60	4.47	4.62	4.78	4.42	3.80	4.10
	<b>M21L (av-)</b>						<b>M21 (av+)</b>					
<b>Pattern 2</b>	<b>2D</b>			<b>3D</b>			<b>2D</b>			<b>3D</b>		
CDIPT	11.11	11.09	11.05	11.30	11.38	11.48	10.68	10.68	10.59	11.13	11.06	11.07
SLC35A1	7.14	7.72	7.57	8.45	8.14	8.58	6.07	5.77	5.77	7.61	7.27	7.36
PLP1	10.78	11.03	10.81	11.25	11.45	11.58	10.46	10.69	10.33	9.99	9.98	9.91
MAPK9	3.91	4.00	4.06	4.23	4.26	4.45	3.43	3.44	3.46	3.69	3.56	3.62
SOX4	7.91	8.15	8.56	10.07	9.68	9.86	7.55	7.78	7.37	9.34	9.00	9.20
NA	7.35	7.52	7.58	8.28	8.21	8.07	6.65	6.43	6.33	6.92	7.33	7.14
C2orf72	2.61	2.65	2.62	3.07	3.12	3.05	2.49	2.55	2.35	2.67	2.71	2.72
SAT1	10.55	10.75	11.08	11.69	12.12	12.19	9.47	9.83	9.24	11.00	11.09	11.01
POLI	6.25	6.93	6.73	8.19	8.27	8.04	4.95	5.09	4.37	7.06	7.21	6.88
GSTT2	5.04	5.21	5.23	6.38	5.45	6.41	2.67	2.74	2.89	4.10	4.11	3.64
CHKB	5.18	4.99	4.71	5.72	5.64	5.73	3.81	3.97	3.94	4.19	4.21	4.42
PHLPP1	5.51	5.77	6.08	8.06	7.99	7.72	4.83	5.11	5.42	7.32	7.11	6.58
NA	3.61	3.54	3.37	7.42	7.88	7.50	3.37	3.32	3.57	6.71	6.23	6.94
CPNE1	8.47	8.51	8.18	9.20	9.39	9.09	7.64	7.54	7.67	8.36	8.13	8.13
SETBP1	4.62	4.40	4.57	5.30	5.25	5.46	3.66	3.27	3.83	3.62	3.59	3.56
TMEM47	5.79	6.80	6.39	7.59	7.72	7.90	2.01	2.16	2.56	2.83	2.74	3.17
RP6-213H19.1	9.47	9.13	9.43	10.98	10.84	11.13	8.70	8.91	9.11	9.88	9.88	9.98
CPE	6.18	7.12	7.07	8.20	8.24	8.62	3.25	3.53	2.76	3.82	3.62	4.70
CLK4	5.14	5.85	5.69	8.42	8.09	8.24	4.74	4.92	4.65	6.86	7.15	6.82
GLUL	9.14	9.40	9.06	10.22	10.13	10.09	8.58	8.64	8.88	9.08	8.81	9.06
F2R	3.74	3.46	3.37	5.03	4.56	4.77	2.67	2.70	2.53	2.95	2.93	2.58
PMM1	5.49	5.57	5.49	6.67	6.81	6.64	4.94	4.94	5.21	5.48	5.60	5.64

APBB2	3.67	4.32	3.94	7.65	7.95	7.82	3.85	4.19	4.08	6.30	5.68	6.49
AZGP1	4.02	4.48	4.15	6.20	5.92	5.74	3.73	3.64	3.21	3.93	4.11	4.16
CPE	4.75	5.14	5.87	7.68	7.32	7.96	4.01	3.88	3.63	4.00	3.62	4.01
APBB2	3.55	3.54	4.16	5.96	5.92	5.91	3.85	4.02	3.75	4.24	4.28	4.18
CDIPT	11.11	11.09	11.05	11.30	11.38	11.48	10.68	10.68	10.59	11.13	11.06	11.07
SLC35A1	7.14	7.72	7.57	8.45	8.14	8.58	6.07	5.77	5.77	7.61	7.27	7.36
PLP1	10.78	11.03	10.81	11.25	11.45	11.58	10.46	10.69	10.33	9.99	9.98	9.91
MAPK9	3.91	4.00	4.06	4.23	4.26	4.45	3.43	3.44	3.46	3.69	3.56	3.62
	<b>M21L (av-)</b>						<b>M21 (av+)</b>					
<b>Pattern 3</b>	<b>2D</b>			<b>3D</b>			<b>2D</b>			<b>3D</b>		
GJB1	9.29	9.36	9.35	8.64	8.58	8.38	9.62	9.86	9.98	9.36	9.42	9.34
DBI	10.74	10.44	10.90	9.46	9.56	9.30	11.11	11.03	11.42	10.09	10.08	10.01
NA	12.45	12.36	12.56	12.09	12.17	12.11	12.71	12.79	12.70	12.20	12.21	12.11
CSF2RA	4.40	4.77	4.62	2.76	3.18	3.36	7.34	7.24	6.71	6.56	6.24	5.67
USP13	6.44	6.13	6.27	6.03	5.48	5.52	8.47	8.50	8.03	7.48	7.84	7.20
NEDD9	6.00	6.90	6.06	4.82	4.90	5.06	8.20	8.22	7.85	7.16	7.24	6.98
RAB31	4.63	4.83	4.85	4.14	3.94	3.95	5.12	5.34	5.42	4.23	4.18	4.06
PRKCB	2.71	2.91	2.68	2.63	2.62	2.93	6.21	7.59	6.54	3.54	3.59	3.49
C21orf91	4.75	4.59	4.84	3.30	3.76	3.63	5.68	5.61	5.53	4.34	4.21	3.81
MPDZ	7.50	7.41	7.55	7.04	7.01	7.13	8.14	8.01	8.14	7.40	7.33	7.58
RAB27A	8.94	8.47	8.69	6.60	6.99	6.44	9.50	9.56	10.22	7.00	6.47	6.20
CLDN14	5.66	5.70	5.76	5.32	5.33	5.20	7.45	7.08	7.45	6.44	6.64	6.47
CREM	7.70	7.51	7.12	5.71	5.51	6.14	8.50	8.72	8.44	7.06	6.72	6.86
PTP4A2	7.29	7.15	7.13	6.95	6.45	6.80	8.98	9.26	9.37	8.29	8.04	8.38
CMTM6	9.70	9.63	9.59	8.84	8.44	8.41	10.58	10.98	10.76	9.73	9.35	9.66
MDH1	11.15	10.97	11.18	10.39	10.61	10.48	11.70	11.86	11.92	10.99	10.78	10.76
CASP1	6.05	6.90	6.81	4.63	4.55	4.73	9.71	9.16	9.29	8.25	8.58	7.10
LXN	8.96	7.96	8.45	6.62	5.92	6.17	9.75	9.74	10.03	6.48	6.32	5.98
SLC45A2	2.55	2.38	2.41	1.97	2.12	2.10	4.66	5.34	5.65	3.15	2.75	2.71
CASP1	7.09	7.90	8.12	5.28	6.09	5.54	11.27	11.05	10.85	9.46	9.81	8.32
CASP1	7.00	7.46	7.30	5.64	5.29	5.43	11.11	10.65	11.09	9.03	9.46	7.96

CASP1	6.97	7.71	8.19	5.39	5.25	5.47	11.14	10.88	10.95	9.04	9.51	8.67
DAB2	3.98	4.53	3.84	3.54	3.64	3.54	5.99	5.67	5.73	4.43	4.23	4.24
COL4A2	3.85	4.08	4.40	3.11	3.35	3.69	5.68	5.80	5.78	4.15	3.95	3.69
SLC45A2	3.14	2.88	2.89	2.95	3.21	3.12	6.24	5.84	6.44	3.98	4.04	3.70
COL4A1	4.11	3.96	3.90	3.89	3.79	4.13	5.24	5.22	5.23	4.12	4.24	4.25
	<b>M21L (av-)</b>						<b>M21 (av+)</b>					
<b>Pattern 4</b>	<b>2D</b>			<b>3D</b>			<b>2D</b>			<b>3D</b>		
ARHGAP15	3.36	3.36	3.54	4.76	4.68	4.55	3.61	3.73	3.49	5.44	5.22	4.83
MAN2C1	3.53	3.34	3.47	3.86	3.81	3.79	3.58	3.46	3.48	4.20	4.12	4.06
SAV1	3.95	3.97	4.08	5.24	4.71	5.14	3.87	4.08	4.01	5.75	5.37	5.51
ARMC9	5.46	5.64	5.74	7.91	7.81	7.70	6.36	6.61	6.23	8.19	8.32	9.00
ARIH1	6.42	6.44	6.58	7.42	7.37	7.62	7.30	7.39	7.32	8.46	7.93	8.10
SLC5A3	8.51	8.32	8.73	9.66	10.21	10.39	9.95	10.14	9.79	11.11	10.96	11.23
NA	8.24	8.22	8.93	10.93	11.32	11.25	9.78	10.49	10.16	12.17	11.91	12.15
PHF1	5.66	5.82	5.76	6.72	7.05	6.85	5.76	5.79	5.39	7.35	7.58	7.61
GNL3	9.69	9.36	9.36	9.97	10.10	10.21	10.21	10.10	10.35	10.86	10.96	11.00
SNAPC5	5.10	5.35	4.80	6.57	6.46	6.81	5.33	5.08	5.09	7.43	7.36	7.15
FCF1	3.03	2.94	2.92	4.41	4.29	4.01	2.76	3.11	2.75	4.69	4.84	5.03
HIST1H2AE	2.63	2.85	2.63	7.33	7.22	6.88	3.48	3.73	2.77	7.67	8.12	8.20
CLASP2	5.22	5.95	5.56	7.52	7.19	7.44	7.03	7.24	6.61	8.54	8.36	8.23
LUC7L3	9.49	9.50	9.32	10.36	10.09	10.15	9.86	9.93	9.87	10.97	10.78	10.72
EXOSC5	4.88	4.87	5.36	6.34	6.34	6.39	4.82	4.99	4.94	6.92	7.58	6.91
ARGLU1	8.55	8.81	8.52	10.02	9.79	10.07	9.13	9.29	9.21	10.55	10.56	10.99
DSP	1.57	1.50	1.89	1.64	1.77	1.79	3.84	4.58	3.84	4.90	5.33	4.83
AEBP1	3.14	3.31	3.21	3.18	3.39	3.34	4.89	5.26	4.68	5.63	5.96	5.62
HIST1H1C	5.73	6.39	6.21	9.75	10.19	9.06	8.22	8.51	7.69	10.60	10.72	10.99
HIP1	3.47	4.24	3.49	3.89	3.46	3.56	5.72	5.36	5.40	6.52	6.18	6.20
CADM1	2.08	2.79	2.73	2.37	2.89	2.62	5.12	6.46	6.55	7.42	7.02	7.19
NR4A2	4.93	5.37	5.38	7.59	8.05	7.33	6.52	5.92	5.70	8.74	8.87	8.39
CABC1	3.31	3.40	3.81	5.32	5.75	5.61	4.50	4.55	4.40	6.75	6.35	6.39

SOX9	3.26	2.97	2.45	2.43	2.85	2.78	7.84	8.48	7.24	9.49	8.55	9.31
MFAP2	3.15	3.11	2.59	2.95	2.96	3.02	5.50	4.95	5.05	6.22	6.41	5.79
MRPS2	5.70	5.66	5.76	6.11	6.23	6.21	5.52	5.35	5.46	6.90	6.73	6.90
NA	7.21	7.49	7.04	10.61	11.08	10.49	8.42	8.65	7.88	11.75	11.93	11.94
OSBPL10	8.96	8.98	9.10	10.04	10.21	10.11	9.02	9.42	9.13	10.71	11.01	10.97
CHCHD7	4.57	4.08	4.51	4.63	4.74	4.54	5.11	5.09	5.09	5.97	5.92	6.00
ABCB4	2.58	2.87	2.84	2.38	2.56	2.80	3.92	4.01	4.11	5.96	6.51	5.28
PION	2.54	2.48	2.41	2.99	2.64	2.82	3.79	3.58	3.93	5.16	4.63	4.57
NA	3.12	3.30	2.97	4.67	4.57	4.42	3.80	3.46	3.08	5.32	5.48	5.77
TNS1	3.51	3.81	4.03	5.52	5.59	5.47	5.69	5.38	5.57	8.22	7.82	7.00
ZNF238	3.48	3.45	3.67	4.00	3.80	4.17	4.12	4.50	4.29	5.06	5.24	5.22
PION	2.29	2.50	2.74	3.13	2.50	2.44	3.95	4.13	4.17	5.77	5.36	4.94
POMZP3	3.05	3.26	2.90	3.68	3.53	3.74	4.12	4.20	3.79	4.98	4.98	5.13
PCGF1	5.01	5.42	5.22	5.79	5.91	5.50	5.98	6.18	6.13	7.17	6.95	7.14
NA	4.02	3.63	3.73	5.14	5.15	5.41	4.11	4.29	4.39	6.15	6.32	6.31
POFUT2	5.91	5.92	5.88	6.99	7.13	6.97	6.30	6.03	5.83	7.76	7.91	8.00
STX12	4.81	4.94	4.74	5.65	5.79	5.58	5.10	5.58	5.27	6.64	6.62	6.63
CPEB3	2.70	2.60	2.41	3.54	3.30	3.09	2.63	2.94	2.60	4.21	4.17	4.16
SERTAD2	5.99	5.76	5.77	6.84	6.74	6.77	6.63	6.57	6.41	7.69	8.07	7.73
TXNIP	4.72	6.16	5.54	9.62	9.73	8.92	4.64	4.83	5.36	11.06	10.91	10.47
HIST1H2BF	5.18	4.97	4.88	6.72	6.50	6.54	5.55	5.28	5.72	7.78	7.73	8.34
PRKCA	4.42	4.18	4.58	4.34	3.95	4.21	5.42	6.06	5.24	6.87	6.77	6.62
JTB	7.97	7.98	8.14	8.82	8.74	8.63	8.47	8.63	8.33	9.59	9.69	9.53
PFKL	4.21	3.83	3.88	4.63	4.77	4.48	4.31	4.51	4.50	5.57	5.75	5.57
DPY19L2P2	2.21	2.34	2.05	2.69	2.50	2.97	3.35	3.49	3.72	5.04	4.42	4.98
N4BP2L1	2.75	2.76	2.74	3.02	2.54	2.69	2.95	2.91	2.81	6.52	7.41	7.74
INSIG2	3.73	3.62	3.44	4.95	4.68	4.29	3.97	4.10	4.41	6.83	6.28	6.12
CDKN1C	2.03	2.48	2.64	3.52	3.41	3.43	3.34	3.64	3.25	5.76	6.41	5.62
NR4A2	5.71	6.00	5.92	8.28	7.65	7.77	6.57	6.80	6.11	9.43	9.54	9.00
MED6	2.13	2.27	2.64	3.56	3.91	3.76	2.38	2.34	2.31	5.06	4.73	4.97
TAF12	3.45	3.63	3.70	4.90	4.32	4.72	4.51	4.25	4.23	6.44	6.17	6.90

CRIM1	3.02	3.50	3.19	3.97	3.89	3.76	4.38	4.25	4.12	6.40	5.82	6.73
SLC16A3	3.00	3.11	3.15	3.37	3.38	2.88	6.26	5.57	6.97	8.43	8.43	7.71
NA	4.92	5.07	5.01	8.75	8.76	8.70	6.13	6.12	5.58	10.26	10.22	10.23
NCKIPSD	5.24	5.29	5.01	5.84	6.29	6.18	5.52	5.00	5.32	7.42	7.56	7.10
NSUN5P1	3.84	4.14	3.88	4.69	4.35	4.53	4.59	4.42	4.25	5.63	6.04	5.82
PDLIM1	3.17	3.36	3.84	3.64	3.59	3.64	6.62	6.78	6.51	8.62	8.98	8.42
NA	3.76	3.24	3.70	5.79	5.49	5.98	5.00	5.44	5.74	8.82	8.28	8.27
TPTE	1.85	2.16	1.99	2.01	2.09	2.07	3.32	3.43	3.32	4.96	5.18	5.48
AMPD2	4.04	4.26	4.27	4.51	4.45	4.31	4.23	4.20	4.46	5.33	5.44	5.39
FAM105A	2.38	2.53	2.56	2.26	2.30	2.41	3.01	3.48	2.76	4.82	4.57	4.54
CRIM1	1.66	1.54	1.54	2.29	1.62	1.76	2.95	3.15	2.82	5.83	5.35	5.74
	<b>M21L (av-)</b>						<b>M21 (av+)</b>					
<b>Pattern 5</b>	<b>2D</b>			<b>3D</b>			<b>2D</b>			<b>3D</b>		
IL1RAP	8.51	9.40	8.90	6.94	7.17	7.31	9.75	9.56	9.42	10.25	10.34	10.02
CCND1	4.46	4.25	4.20	3.47	3.78	3.75	5.29	5.13	5.04	4.71	4.94	4.63
C1orf38	2.62	2.73	2.72	2.82	2.84	2.50	4.51	4.14	4.88	4.14	4.25	4.34
WIPF1	4.23	4.56	4.50	4.58	4.23	4.22	6.63	6.08	6.76	5.93	6.33	5.86
TSC22D3	3.06	3.46	3.14	3.02	3.43	2.95	5.35	5.43	5.00	5.46	5.78	6.06
CSF2RA	3.64	3.90	3.69	3.15	3.25	3.44	5.73	5.82	5.40	5.36	4.90	4.81
CADM1	3.97	4.08	3.78	3.99	3.82	3.98	6.00	6.79	5.88	6.88	7.09	6.92
FAM70A	7.87	8.57	8.72	7.25	6.91	7.56	11.04	11.05	10.78	10.35	10.28	10.32
TM4SF1	3.23	2.88	3.59	3.12	2.74	3.14	6.45	7.28	6.86	7.34	6.88	6.65
CHMP5	8.89	9.02	8.94	9.22	9.33	9.31	10.02	10.00	10.05	10.07	10.39	10.36
NEO1	2.54	2.65	2.87	3.01	2.74	2.86	3.52	3.60	3.50	3.85	3.72	3.70
TCF4	2.39	2.31	2.16	2.62	2.56	2.86	3.27	3.24	3.22	3.27	3.20	3.25
TM4SF1	3.68	3.72	5.10	3.95	3.75	4.30	8.75	8.70	8.75	9.11	8.16	8.68
SOX9	1.81	2.43	2.51	2.35	2.11	2.00	9.74	9.68	8.66	9.77	9.39	9.39
BIN3	5.58	5.63	5.28	4.62	4.72	5.02	6.97	6.82	7.22	7.18	6.68	6.98
KPNB1	3.42	3.26	3.33	2.96	3.12	3.07	5.06	5.04	4.51	4.52	4.91	5.05
ITGAV	3.80	4.77	3.68	5.16	4.83	4.61	10.72	10.71	10.56	10.17	10.20	10.14
MDH2	10.61	10.48	10.34	10.28	10.49	10.43	11.28	11.46	11.33	11.27	11.22	11.47

SMARCA1	6.17	6.55	6.06	6.54	6.55	6.21	8.08	8.16	8.06	8.08	8.21	7.67
KPNB1	4.57	4.81	4.59	4.11	4.07	4.19	6.02	6.03	5.72	5.93	5.81	5.89
	<b>M21L (av-)</b>						<b>M21 (av+)</b>					
<b>Pattern 6</b>	<b>2D</b>			<b>3D</b>			<b>2D</b>			<b>3D</b>		
TAF7	10.35	10.57	10.45	11.13	11.03	10.93	9.45	9.86	9.53	10.62	10.65	10.57
C20orf11	5.89	6.27	5.93	6.79	6.93	6.65	4.79	4.93	5.22	6.25	6.33	6.36
PPP1R15A	5.57	6.00	5.81	6.45	6.40	6.36	4.87	4.64	4.68	6.22	6.20	5.91
RPL10	10.40	10.33	10.40	11.07	10.87	11.09	9.77	9.91	9.72	10.54	10.60	10.76
TOMM20	10.19	10.48	10.32	11.28	11.10	11.19	10.90	10.87	10.63	11.70	11.61	11.76
DIABLO	7.65	7.62	7.60	8.15	8.00	8.17	7.26	7.41	7.27	8.58	8.27	8.26
MEAF6	7.44	7.57	7.47	8.52	8.53	8.68	8.39	8.06	8.07	9.02	9.09	8.91
NOTCH2NL	7.40	7.71	8.15	9.59	9.86	9.75	8.44	8.78	8.73	10.14	10.54	10.38
BNIP3	8.45	7.99	8.13	10.84	11.21	10.62	8.99	8.50	8.21	11.28	11.73	11.21
DVL3	6.38	6.59	6.25	7.68	7.51	7.84	6.21	5.89	6.12	7.38	7.12	7.22
FANCL	9.21	9.54	9.46	11.12	10.77	11.14	10.53	10.63	10.19	11.32	11.09	11.36
USP34	7.22	7.15	7.39	7.97	8.04	7.89	7.26	7.40	7.12	8.38	8.29	8.48
TMEM63A	2.67	3.08	3.27	5.58	5.39	5.75	2.88	2.99	3.51	4.90	4.98	4.92
GATAD1	3.86	4.64	4.27	7.14	6.33	6.49	3.67	4.14	4.04	6.95	7.03	7.43
BRD1	5.25	5.83	5.52	7.11	7.03	6.87	5.27	5.29	5.29	6.67	6.52	6.28
MKRN1	6.76	7.25	7.10	8.97	9.80	9.20	7.08	6.76	7.17	9.18	9.18	9.45
WSB1	4.15	4.37	4.46	7.90	6.96	8.12	4.76	5.44	5.32	8.06	8.00	8.44
ZDHHC17	5.69	6.02	5.41	7.74	7.58	7.57	6.39	6.53	6.63	7.71	7.76	8.19
PNRC1	8.60	8.96	8.94	10.15	9.93	10.01	8.41	8.34	7.97	9.55	9.75	9.50
NA	5.85	6.34	6.33	8.76	8.32	8.36	6.33	6.85	6.86	8.92	9.14	8.49
GCC2	5.71	6.04	5.61	7.18	7.18	7.44	6.34	6.42	6.01	7.82	7.90	7.65
SDC2	5.63	5.50	6.26	7.86	7.46	7.67	5.69	5.80	5.95	8.42	8.27	8.18
HIST1H2AM	3.98	4.11	4.15	7.13	6.16	6.85	4.59	4.68	4.12	7.15	7.46	7.50
TBC1D15	5.55	5.63	6.08	7.22	7.88	7.71	5.83	5.94	6.01	8.07	8.15	8.31
CBX7	4.24	4.96	4.97	7.49	7.23	7.27	4.38	4.31	4.40	6.41	7.12	6.75
CSAD	3.52	3.84	3.49	6.49	6.02	6.39	3.49	3.46	3.43	5.73	5.74	5.98
SIDT2	5.24	4.91	4.89	7.30	7.44	7.26	4.68	4.92	4.75	6.89	6.64	6.71

RPL10	6.69	6.23	5.83	7.94	8.10	7.95	4.83	4.71	5.05	7.53	7.56	7.34
MYLIP	4.26	4.09	4.36	6.47	5.79	6.01	4.09	4.15	3.91	5.90	6.53	6.12
C1orf66	4.21	4.31	4.18	4.83	4.75	4.73	4.37	4.38	4.13	5.04	5.09	5.10
ZNF226	5.22	5.06	5.14	6.74	6.86	6.65	5.43	5.66	5.23	6.58	7.21	7.10
NA	5.65	6.75	6.53	9.61	9.21	9.49	6.19	5.67	5.60	8.75	8.82	9.12
UQCRB	11.50	11.38	11.43	12.07	12.14	12.13	11.69	11.81	11.82	12.13	12.22	12.17
EFEMP2	4.53	4.67	4.67	6.39	6.21	6.45	4.59	4.47	4.12	6.76	7.00	7.01
AIMP1	8.87	9.16	8.93	9.67	9.81	9.80	8.84	8.44	8.84	10.01	10.15	10.07
PHF3	7.46	7.38	7.13	8.54	8.85	8.52	7.15	7.38	6.86	8.92	9.08	8.67
FHL3	3.20	3.19	3.15	3.41	3.40	3.34	3.01	3.07	3.03	3.49	3.48	3.48
IRS2	9.07	9.22	9.35	10.70	10.53	10.65	8.76	8.94	8.64	10.34	10.28	10.10
N4BP2L2	4.42	5.71	5.47	8.02	7.67	7.80	4.86	4.68	4.66	8.15	8.43	8.09
PARP6	5.16	5.33	5.17	6.52	6.18	6.64	5.11	4.93	4.86	6.65	6.86	6.91
MORC2	7.25	7.36	7.02	8.34	8.39	8.57	6.69	6.53	6.59	7.89	8.35	8.41
C17orf48	5.88	6.61	6.60	8.62	8.73	8.51	5.46	5.49	5.03	7.90	8.36	8.33
IRS2	4.60	4.64	4.72	6.59	6.35	6.67	4.30	4.26	4.49	6.25	6.27	6.07
ZNF83	4.98	5.63	5.47	8.72	7.91	8.56	5.05	5.45	5.15	8.49	8.36	8.83
AKAP9	2.83	3.02	2.79	5.20	5.27	5.21	2.48	2.88	3.03	4.58	4.58	5.19
HIST1H2BG	3.87	4.51	3.37	7.83	7.80	7.42	5.39	4.80	4.33	8.10	7.89	8.24
C19orf53	8.14	8.11	8.33	9.03	8.93	8.79	7.85	7.81	7.90	8.81	8.92	8.77
UQCRC2	10.19	10.30	10.14	10.87	10.95	10.97	10.02	10.05	9.78	10.97	10.85	11.10
GOLGA8A	7.71	8.79	8.36	10.82	10.50	10.71	8.26	7.72	8.15	10.92	11.08	10.54
RNASE4	2.91	3.08	3.08	4.76	4.71	4.64	2.81	2.75	2.89	4.74	4.45	4.04
CCBL2	7.35	7.70	7.64	8.58	8.64	8.44	7.12	7.36	7.10	8.83	8.62	8.63
TIPARP	6.85	6.76	7.25	8.87	9.06	8.79	4.89	5.65	5.40	8.63	8.67	8.77
TAF1D	4.75	4.81	4.55	7.11	6.97	6.65	4.29	4.26	4.57	6.91	7.13	7.29
SPSB3	3.95	4.20	4.16	5.03	4.87	4.76	3.85	4.12	3.84	5.13	5.10	5.08
VGLL4	4.97	5.69	5.46	8.64	8.26	8.11	5.96	5.87	6.23	8.64	8.74	8.56
ZNHIT3	7.64	7.75	7.74	9.40	9.29	8.84	6.96	7.47	7.38	9.23	9.26	9.38
SFRS8	3.83	3.98	3.80	4.97	5.08	5.08	3.68	3.70	3.92	5.13	5.17	5.25
	<b>M21L (<math>\alpha v^-</math>)</b>						<b>M21 (<math>\alpha v^+</math>)</b>					



<b>Pattern 10</b>	<b>2D</b>			<b>3D</b>			<b>2D</b>			<b>3D</b>		
CAPN3	9.94	10.08	9.94	9.80	9.67	9.44	8.95	9.16	9.62	7.19	7.28	6.56
PTPLA	10.44	10.25	10.40	9.81	9.61	10.04	10.09	10.09	9.95	8.23	8.28	8.46
DNAJC13	9.42	9.20	9.37	8.88	9.02	9.11	9.11	9.01	9.24	8.21	8.19	8.12
	<b>M21L (av-)</b>						<b>M21 (av+)</b>					
<b>Pattern 11</b>	<b>2D</b>		<b>3D</b>		<b>2D</b>			<b>3D</b>				
ATXN10	11.28	11.16	11.07	10.83	10.79	10.65	10.43	10.18	10.43	9.98	9.83	9.81
RPS12	13.43	13.38	13.44	13.52	13.49	13.57	13.13	13.10	13.04	13.28	13.19	13.25
ID4	8.83	9.97	9.60	9.88	9.40	10.17	5.66	5.61	6.75	5.28	5.00	5.18
CYLD	3.77	3.78	3.82	3.98	3.91	3.96	3.07	3.01	3.07	3.54	3.54	3.32
SUN2	5.16	5.33	5.38	5.60	5.55	5.47	4.77	4.77	4.80	4.16	4.34	4.27
EPB41L3	9.19	9.49	9.13	9.22	9.12	9.12	8.16	7.86	8.12	7.00	6.86	7.27
PRDX6	10.51	10.60	10.71	10.78	10.80	10.68	9.10	9.31	9.32	9.88	9.97	9.76
NA	6.66	7.04	6.99	7.26	7.06	6.90	4.92	4.64	4.87	4.95	4.53	5.01
NEFL	6.89	6.93	6.80	6.66	6.59	6.38	5.03	4.76	4.96	4.20	4.80	4.17
	<b>M21L (av-)</b>						<b>M21 (av+)</b>					
<b>Pattern 12</b>	<b>2D</b>			<b>3D</b>			<b>2D</b>			<b>3D</b>		
UTP18	9.61	9.68	9.32	8.10	7.88	8.09	9.85	10.03	10.08	9.37	9.45	9.20
APOC2	5.49	5.79	5.86	3.92	4.16	4.08	6.44	5.91	5.80	4.08	4.02	4.23
COX5B	12.49	12.23	12.35	11.45	11.57	11.34	12.86	12.75	12.87	11.97	12.04	11.90
C17orf42	5.96	6.06	5.95	5.26	5.15	5.13	5.49	5.61	5.70	5.03	5.02	4.88
DCT	11.72	11.56	11.45	10.61	10.22	10.82	11.74	11.93	12.20	10.13	9.87	9.89
EIF4EBP1	8.91	8.74	8.81	6.84	7.37	7.22	8.80	8.80	9.24	8.03	8.09	8.14
ITGB3	7.19	7.97	7.78	4.28	4.38	4.02	7.17	7.24	7.14	4.27	3.63	3.41
DUSP14	8.30	8.56	8.52	6.56	6.57	6.68	7.72	8.00	8.04	6.94	6.64	7.19
PHACTR2	4.11	4.00	4.23	3.02	2.93	2.72	3.62	3.78	3.70	2.95	2.97	2.93
ACTB	11.70	11.75	11.99	10.56	10.48	10.51	11.15	11.42	11.66	10.24	10.16	9.92
ADAM9	9.57	9.47	9.51	7.62	7.67	7.86	9.72	9.92	10.18	8.05	7.72	8.08
COX5B	11.99	11.84	12.06	10.90	11.13	10.62	12.28	12.39	12.38	11.43	11.52	11.33
TRAK2	9.01	9.16	8.68	7.03	6.40	6.62	8.52	8.33	8.90	6.42	5.92	6.53
ST3GAL5	9.62	10.04	9.82	8.18	7.79	7.48	10.28	10.33	10.37	9.02	8.75	8.40

ITGB3	9.63	10.36	10.31	5.46	4.25	4.23	9.84	9.80	9.58	6.59	5.74	4.86
OSTM1	9.67	9.59	9.39	8.29	8.32	8.75	9.39	9.30	9.50	7.62	7.20	7.16
ACTB	13.18	12.82	13.03	11.82	11.77	11.97	12.77	12.93	13.25	11.63	11.35	11.49
GNPTAB	11.44	11.25	11.21	10.40	10.60	10.82	11.39	11.23	11.35	10.13	10.06	10.06
C12orf5	7.79	7.57	7.45	4.87	4.66	4.86	7.53	7.68	8.04	5.29	4.74	4.79
DCT	9.58	9.74	9.74	7.73	7.68	8.13	9.51	10.08	9.93	7.39	7.20	6.41
QDPR	9.89	10.05	10.08	7.92	7.99	8.19	10.04	10.29	10.45	8.10	7.64	7.47
LGALS3	13.05	12.99	13.12	12.44	12.38	12.55	12.86	12.95	13.00	12.29	12.25	12.24
ATP1B3	11.20	11.11	11.22	9.62	9.71	9.58	10.72	11.06	11.37	9.10	9.13	9.33
MAD2L1BP	4.64	4.39	4.47	3.74	3.80	3.86	4.68	4.54	4.69	3.74	3.43	3.39
TFRC	12.06	12.41	12.18	10.59	10.80	10.81	12.48	12.38	12.42	11.12	10.95	11.48
CCNH	9.12	9.32	9.11	7.82	8.10	7.78	9.29	9.25	9.30	8.21	8.44	8.44
ANXA5	11.75	11.68	11.85	11.04	11.13	11.11	11.69	11.74	11.75	10.95	10.86	10.80
ACTB	13.05	12.90	13.08	11.71	11.99	12.16	12.78	12.96	13.07	11.67	11.45	11.59
SEPT11	6.41	6.55	6.23	4.61	5.00	4.47	6.28	6.11	6.47	4.18	4.64	4.26
WDR61	10.41	10.22	10.28	9.49	9.28	9.32	10.30	10.18	10.43	9.43	9.07	9.24
ACTB	13.06	12.93	13.10	11.81	12.08	12.26	12.89	13.04	13.06	11.76	11.51	11.68
GSTO1	11.20	11.36	11.52	10.37	10.38	10.25	11.44	11.34	11.43	10.15	10.29	9.96
HAS2	8.28	8.03	8.09	6.18	6.39	6.09	8.17	8.27	8.19	6.32	6.74	6.42
SH2B3	9.55	9.47	9.46	6.89	6.31	6.14	9.62	9.34	9.55	6.63	6.30	6.51