Proteins quantified by SILAC analysis, passing signal to noise (SN) filters in 2 biological replicate experiments (Ex1 highlighted in green; Ex2 highlighted in blue)
WCE=whole cell extract proteome
AV= combined autophagic vesicle fractions
Data are filtered based on the log2 heavy/light ratio for Experiment 1 (Ex1)

Protein Id	Gene Symbol	Ex1_WCE_Peptides	Ex1_AV_Peptides	Ex1_ratio_heavy_light_max_	Ex2_WCE_Peptides	Ex2_AV_Peptides	Ex2_ratio_heavy_light_max_median
sp|Q4G0N4|NAKD2	NADK2	2	3	4.30773	1	1	4.17532
sp|P05186|PPBT_H	ALPL	6	52	3.07882	0	20	2.56278
sp|Q92522|H1X_H	H1FX	7	1	2.62362	3	1	-0.190522
sp|Q01974|ROR2_	ROR2	0	4	2.23932	0	4	1.09542
sp|O00584|RNT2_	RNASET2	0	3	1.99603	1	2	2.3983
sp|P14384|CBPM_	CPM	1	17	1.90352	0	6	1.76738
sp|Q92820|GGH_H	GGH	8	51	1.82502	4	22	1.72739
sp|P00966|ASSY_H	ASS1	17	27	1.82487	14	11	1.48956
sp|P61081|UBC12_	UBE2M	4	3	1.77371	1	1	1.11737
sp|P43003|EAA1_H	SLC1A3	0	5	1.51697	0	3	1.61696
sp|Q5VV41|ARHG	ARHGEF16	1	6	1.50533	1	1	0.585716
sp|P26447|S10A4_	S100A4	7	12	1.44637	2	2	1.27314
sp|Q9ULJ7|ANR50_	ANKRD50	0	2	1.42848	0	1	-0.564853
sp|P06737|PYGL_H	PYGL	40	41	1.40765	9	10	1.06961
sp|P60520|GBRL2_	GABARAPL2	2	7	1.37643	1	2	1.51682
sp|P07711|CATL1_	CTSL	2	6	1.37153	1	4	2.47385
sp|Q6MZW2|FSTL4	FSTL4	0	2	1.32014	0	1	0.880128
sp|P28827-2|PTPR	PTPRM	0	6	1.30768	0	3	0.725936
sp|P23381|SYWC_	WARS	17	29	1.29051	12	16	1.18262
sp|P53634|CATC_H	CTSC	5	16	1.28405	3	7	1.58575
sp|P17050|NAGAB	NAGA	1	9	1.26598	1	4	0.763819
sp|Q99538|LGMN_	LGMN	1	11	1.26442	0	3	1.67979
sp|Q13576|IQGA2_	IQGAP2	28	99	1.18586	9	40	0.994698
sp|Q9UM22|EPDR1	EPDR1	0	7	1.18052	0	2	1.07866
sp|Q8TBA6|GOGA5	GOLGA5	1	10	1.17945	0	3	0.861065
sp|Q14643|ITPR1_	ITPR1	34	67	1.16182	13	28	1.0311
sp|Q86WR0|CCD25	CCDC25	4	8	1.15923	3	2	0.881613
sp|P07686|HEXB_	HEXB	12	54	1.14952	7	13	1.90771
sp|O00754|MA2B1	MAN2B1	2	19	1.11088	0	8	1.05879
sp|O76070|SYUG_	SNCG	11	10	1.06306	8	3	0.847874
sp|P15559|NQO1_	NQO1	12	20	1.04436	3	8	0.937766
sp|P32929|CGL_HU	CTH	0	6	1.04015	0	1	1.08189
sp|P31327-3|CPSM	CPS1	133	210	1.03859	64	116	0.835745
sp|Q687X5|STEA4_	STEAP4	0	7	1.02134	0	3	0.712758
sp|P49588|SYAC_H	AARS	50	63	1.00951	32	36	0.86845
sp|P08243|ASNS_H	ASNS	29	38	1.00694	14	24	1.01084
sp|Q96L92|SNX27_	SNX27	1	1	1.00563	1	2	-0.677238
sp|P08236|BGLR_H	GUSB	3	32	1.003	2	22	1.15144

sp|P27658|CO8A1_	COL8A1	1	12	0.998339	3	6	1.71423
sp|P09234|RU1C_	SNRPC	4	2	0.983241	4	1	-0.538472
sp|P39880-3|CUX1	CUX1	10	6	0.958945	3	2	1.36694
sp|P30838|AL3A1_	ALDH3A1	5	6	0.925275	4	5	0.901876
sp|P06865|HEXA_	HEXA	4	26	0.911659	5	8	1.32592
sp|P06280|AGAL_	GLA	1	4	0.896351	1	2	1.41601
sp|A1L170-2|CA22	C1orf226	0	5	0.895956	0	1	0.766763
sp|P09104|ENOG_	ENO2	7	2	0.892298	2	1	0.40062
sp|O75475|PSIP1_	PSIP1	24	3	0.844694	9	2	2.71576
sp|Q9H0X4|ITFG3_	ITFG3	0	4	0.821844	0	1	0.0908536
sp|Q53EL6|PDCD4_	PDCD4	13	5	0.81981	6	2	1.30121
sp|P12277|KCRB_H	CKB	30	31	0.802362	9	14	0.636652
sp|Q9Y617|SERC_H	PSAT1	18	26	0.79416	13	13	0.805924
sp|P08473|NEP_H	MME	0	8	0.793989	0	2	1.07111
sp|Q7L1Q6-3|BZW	BZW1	23	43	0.791757	13	7	0.76576
sp|P13929|ENOB_	ENO3	26	36	0.787998	16	6	1.21538
sp|O00625|PIR_HU	PIR	13	16	0.786592	9	8	0.771365
sp|P49720|PSB3_H	PSMB3	11	6	0.784131	5	2	3.05925
sp|Q9NRW7|VPS4	VPS45	1	4	0.778597	0	1	0.167683
sp|Q8NBP7|PCSK9_	PCSK9	7	17	0.776383	1	6	0.618407
sp|O75391|SPAG7_	SPAG7	3	2	0.771842	5	3	0.429593
sp|P01903|DRA_H	HLA-DRA	0	2	0.770824	0	1	-0.00297111
sp|Q9HAT2|SIAE_H	SIAE	0	4	0.765676	0	3	0.692624
sp|Q99574|NEUS_	SERPINI1	1	4	0.752566	2	4	0.90996
sp|Q9Y680|FKBP7_	FKBP7	4	12	0.748554	2	3	0.765106
sp|Q8WW12|PCNP	PCNP	8	5	0.738816	4	1	-1.90717
sp|O00522|KRIT1_	KRIT1	0	3	0.73699	0	2	-0.806806
sp|Q9H074|PAIP1_	PAIP1	10	7	0.691987	2	3	0.248873
sp|Q16537|2A5E_	PPP2R5E	2	5	0.680768	1	1	0.242044
sp|P25787|PSA2_H	PSMA2	12	12	0.669773	6	5	0.404501
sp|P35573|GDE_H	AGL	12	10	0.664182	5	2	-0.657433
sp|Q96EK6|GNA1_	GNPNAT1	10	10	0.642551	2	6	0.355418
sp|Q02790|FKBP4_	FKBP4	32	54	0.640339	20	22	0.65362
sp|P55327-3|TPD5	TPD52	12	21	0.632623	10	8	0.637283
sp|Q9NT62|ATG3_	ATG3	3	2	0.615511	3	4	0.460213
sp|P16066|ANPRA_	NPR1	0	2	0.59755	0	4	1.21227
sp|Q96K17|BT3L4_	BTF3L4	13	20	0.592635	9	1	0.433932
sp|Q16719|KYNU_	KYNU	21	38	0.580279	13	19	0.407818
sp|Q06323-2|PSME	PSME1	14	25	0.579982	9	7	0.506061
sp|P04066|FUCO_	FUCA1	0	4	0.576522	0	1	0.771693
sp|Q14166|TTL12_	TTLL12	10	5	0.576234	1	2	0.316451
sp|Q9H4A4|AMPB_	RNPEP	13	13	0.574181	8	4	0.320408
sp|P34059|GALNS_	GALNS	0	3	0.569506	0	1	0.609775
sp|Q7Z7H5|TMED4	TMED4	1	5	0.567944	2	5	1.29378
sp|P37268|FDFT_H	FDFT1	2	13	0.567933	1	1	0.11815

sp|Q14542|S29A2_	SLC29A2	0	5	0.566432	0	5	0.130986
sp|P49327|FAS_HU	FASN	97	132	0.565758	51	65	0.515506
sp|O95433|AHSA1_	AHSA1	12	9	0.544798	3	1	0.376305
sp|Q587I9|SFT2C_	SFT2D3	0	3	0.537112	0	1	0.115996
sp|Q7Z6Z7|HUWE1	HUWE1	38	22	0.534759	10	2	0.263159
sp|P21266|GSTM3_	GSTM3	7	16	0.52954	4	3	0.50139
sp|P05161|ISG15_	ISG15	6	6	0.527326	5	3	0.574308
sp|P60174|TPIS_HU	TPI1	40	35	0.517671	27	18	0.451096
sp|Q8TEQ6|GEMI5_	GEMIN5	24	13	0.516251	8	3	-0.163773
sp|Q13907-2|IDI1_	IDI1	14	19	0.515194	6	4	0.206249
sp|P09874|PARP1_	PARP1	67	16	0.513388	26	2	0.208901
sp|P41227|NAA10_	NAA10	22	15	0.512148	19	4	0.263278
sp|P00492|HPRT_	HPRT1	10	18	0.510305	7	7	0.424972
sp|P14324|FPPS_H	FDPS	8	13	0.509883	6	4	0.567115
sp|Q9UBQ6|EXTL2_	EXTL2	2	12	0.507924	0	3	0.770003
sp|P54802|ANAG_	NAGLU	0	2	0.489804	0	1	1.21259
sp|A0MZ66-3|SHO	KIAA1598	20	18	0.48141	9	5	-0.311219
sp|Q14152|EIF3A_	EIF3A	33	27	0.47769	2	4	0.126322
sp|O15372|EIF3H_	EIF3H	12	12	0.474462	3	1	0
sp|O75874|IDHC_	IDH1	22	22	0.470795	13	16	0.408275
sp|Q02818|NUCB1	NUCB1	10	35	0.465217	2	16	0.541636
sp|P26583|HMGB2	HMGB2	10	12	0.460697	6	4	0.244216
sp|Q16555|DPYL2_	DPYSL2	15	12	0.460592	3	2	0.303399
sp|Q6NXT4-2|ZNT6	SLC30A6	0	7	0.459376	1	4	0.230055
sp|P60900|PSA6_H	PSMA6	5	7	0.456406	0	2	0.217908
sp|Q13510-2|ASAH	ASAH1	5	41	0.455723	3	19	0.691042
sp|Q14244-7|MAP	MAP7	9	1	0.455687	0	1	1.59241
sp|P05198|IF2A_H	EIF2S1	12	14	0.454657	8	1	0.18057
sp|Q96C19|EFHD2_	EFHD2	3	6	0.4519	2	1	-0.359619
sp|P32119|PRDX2_	PRDX2	5	12	0.45108	5	6	0.305763
sp|Q9NR30|DDX21	DDX21	45	7	0.449802	10	2	-0.00862741
sp|Q99436|PSB7_	PSMB7	10	15	0.436042	8	2	0.084972
sp|Q9UQ80|PA2G4	PA2G4	35	72	0.427461	19	29	0.347728
sp|O00115|DNS2A_	DNASE2	1	6	0.425764	0	1	1.37875
sp|Q9BXJ9|NAA15_	NAA15	26	15	0.420302	12	3	-0.0522461
sp|O00220|TR10A_	TNFRSF10A	0	3	0.410942	0	3	0.467662
sp|P49589-3|SYCC_	CARS	32	37	0.409201	14	19	0.456509
sp|Q9UBQ5|EIF3K_	EIF3K	3	6	0.408645	3	1	0.116536
sp|O15371|EIF3D_	EIF3D	15	13	0.40843	8	8	0.433655
sp|O94905|ERLN2_	ERLIN2	5	18	0.407854	5	10	0.457678
sp|Q12929|EPS8_H	EPS8	3	4	0.404729	0	2	0
sp|O75131|CPNE3_	CPNE3	4	1	0.400614	2	1	0.649769
sp|P31939|PUR9_	ATIC	38	54	0.399478	32	31	0.175627
sp|P21281|VATB2_	ATP6V1B2	6	15	0.398151	5	8	0.00397138
sp|P43353|AL3B1_	ALDH3B1	0	3	0.394128	0	3	0.435458

sp|Q9UL46|PSME2_	PSME2	10	15	0.392537	5	5	0.53163
sp|P52209|6PGD_	PGD	23	40	0.389604	14	23	0.336333
sp|Q00688|FKBP3_	FKBP3	10	22	0.38822	7	11	0.066452
sp|P17174|AATC_	GOT1	12	8	0.387236	7	1	1.34566
sp|P25788|PSA3_H	PSMA3	8	5	0.385729	2	1	0.25416
sp|Q9BZC7-3|ABCA	ABCA2	2	7	0.3826	0	2	-0.290154
sp|O15321|TM9S1	TM9SF1	0	2	0.38044	0	1	0.700443
sp|O43175|SERA_	PHGDH	28	58	0.364973	22	38	0.367972
sp|Q15819|UB2V2	UBE2V2	9	6	0.363535	3	1	0
sp|Q9NVT9|ARMC	ARMC1	2	1	0.359165	2	1	0.209168
sp|Q9Y5K5|UCHL5	UCHL5	10	1	0.358655	3	1	0.301416
sp|P63151-2|2ABA	PPP2R2A	8	5	0.35694	5	3	0.51173
sp|Q14789|GOGB1	GOLGB1	105	212	0.35381	22	72	0.346339
sp|Q9Y262|EIF3L_	EIF3L	16	17	0.353229	6	7	0.102882
sp|Q13126|MTAP_	MTAP	14	23	0.350034	8	2	0.365101
sp|P07900-2|HS90	HSP90AA1	110	154	0.340675	45	70	0.531814
sp|P04818|TYSY_H	TYMS	7	2	0.339661	4	4	0.0780966
sp|P39019|RS19_H	RPS19	6	12	0.336907	4	4	-0.0156806
sp|P52943|CRIP2_	CRIP2	6	20	0.336894	5	10	0.29297
sp|Q15181|IPYR_H	PPA1	21	30	0.336115	14	16	0.368924
sp|Q9NQR4|NIT2_	NIT2	7	8	0.33297	2	1	0.201077
sp|P49770|EI2BB_	EIF2B2	6	4	0.331461	0	1	0.154875
sp|P11216|PYGB_	PYGB	18	5	0.3308	0	4	0.522234
sp|P14868|SYDC_H	DARS	23	25	0.329897	11	9	0.211999
sp|Q9UKK9|NUDT5	NUDT5	12	18	0.329558	8	10	0.248283
sp|O75608|LYPA1_	LYPLA1	6	7	0.32853	2	4	-0.355678
sp|P08865|RSSA_H	RPSA	17	27	0.326318	9	12	0.323951
sp|Q99613|EIF3C_	EIF3C	27	22	0.326109	7	7	0.581675
sp|P32004-2|L1CA	L1CAM	13	90	0.320658	7	56	0.541428
sp|Q96IU4|ABHEB_	ABHD14B	3	7	0.320123	3	1	-0.751076
sp|P30086|PEBP1_	PEBP1	20	32	0.316527	19	11	0.567433
sp|P49321|NASP_	NASP	60	11	0.313962	40	5	-0.413427
sp|Q92854|SEM4D	SEMA4D	0	3	0.312287	0	2	0.255248
sp|P49755|TMEDA	TMED10	10	22	0.311213	7	8	0.390099
sp|P23526|SAHH_	AHCY	31	48	0.309589	16	11	0.224139
sp|Q12874|SF3A3_	SF3A3	14	2	0.308802	9	2	0.778988
sp|P30622|CLIP1_	CLIP1	50	43	0.307591	9	16	0.120247
sp|Q86Y07|VRK2_	VRK2	0	2	0.307402	0	2	-0.632416
sp|Q96DG6|CMBL_	CMBL	2	7	0.304811	2	1	0.485813
sp|Q93077|H2A1C_	HIST1H2AC	8	5	0.304317	7	1	0.207493
sp|P55010|IF5_HU	EIF5	13	7	0.301462	2	3	0.559888
sp|Q9Y230|RUVB2_	RUVBL2	18	30	0.299137	8	13	0.404402
sp|Q9BRA2|TXD17_	TXNDC17	3	3	0.297489	1	1	0.498685
sp|P78417|GSTO1_	GSTO1	13	9	0.294899	4	4	0.348597
sp|P62333|PRS10_	PSMC6	5	5	0.291638	5	3	-0.262065

sp|Q8NHP6|MSPD2	MOSPD2	1	3	0.290573	0	2	0.232843
sp|Q9NX57|RAB20_	RAB20	0	6	0.288304	0	1	0.111433
sp|Q04760|LGUL_	GLO1	13	14	0.287388	7	5	0.558374
sp|P28074|PSB5_H	PSMB5	4	4	0.283984	1	3	0.301561
sp|P60228|EIF3E_	EIF3E	13	19	0.279784	8	3	0
sp|Q13310-3|PABP	PABPC4	26	50	0.277893	15	8	0.187733
sp|P98082|DAB2_	DAB2	18	38	0.277457	6	9	0.0474818
sp|P11586|C1TC_H	MTHFD1	44	100	0.276656	21	48	0.111579
sp|Q15363|TMED2	TMED2	10	36	0.276181	4	29	0.366362
sp|P48637|GSHB_	GSS	4	4	0.272843	3	2	0.266219
sp|P0CW22|RS17L_	RPS17L	16	28	0.271908	10	7	-0.0937412
sp|Q9P2J5|SYLC_H	LARS	65	91	0.268492	27	32	0.237386
sp|P48163|MAOX_	ME1	9	13	0.268246	4	1	0.0364921
tr|F8W726|F8W72	UBAP2L	22	10	0.267294	11	3	0.410499
sp|P20042|IF2B_H	EIF2S2	20	45	0.266597	29	33	0.268868
tr|E7EVY3|E7EVY3_	CAST	2	3	0.265421	4	5	0.0821419
sp|P62269|RS18_H	RPS18	18	18	0.261348	6	7	-0.129579
sp|P41252|SYIC_H	IARS	43	66	0.261305	16	25	0.0862547
sp|P17858-2|K6PL_	PFKL	1	8	0.258101	0	1	0.190786
sp|Q9Y266|NUDC_	NUDC	31	49	0.257918	23	12	0.270137
sp|O95758-4|PTBP	PTBP3	8	7	0.25683	2	1	0.155756
sp|Q9Y5Y2|NUBP2_	NUBP2	3	4	0.256242	1	1	-0.242858
sp|Q9UBB4|ATX10_	ATXN10	8	12	0.253752	8	2	-0.237832
sp|P27708|PYR1_H	CAD	29	44	0.2521	14	8	-0.0272958
sp|Q15369|ELOC_	TCEB1	3	6	0.251955	2	4	0.0536688
sp|Q13421-2|MSLN	MSLN	0	6	0.25134	0	4	-0.00165029
sp|P78527|PRKDC_	PRKDC	179	96	0.25124	71	24	0.0566222
sp|P20618|PSB1_H	PSMB1	6	12	0.250603	6	9	0.275349
sp|Q96EN8|MOCO	MOCOS	7	11	0.249857	1	4	0.392496
sp|Q9Y265|RUVB1_	RUVBL1	21	30	0.247771	12	8	0.181388
sp|Q96KP4|CNDP2_	CNDP2	23	14	0.246335	16	1	-0.186787
sp|Q99497|PARK7_	PARK7	20	34	0.243403	5	5	0.0973678
sp|P62249|RS16_H	RPS16	7	17	0.24327	9	6	-0.18751
sp|P07814|SYEP_H	EPRS	123	176	0.241902	51	49	0.100394
sp|P00441|SODC_	SOD1	6	8	0.241759	4	6	0.227073
sp|Q7Z2Z2|ETUD1_	EFTUD1	9	8	0.239381	2	5	-0.0943062
sp|P26639-2|SYTC_	TARS	44	64	0.236562	21	36	0.195478
sp|P40121|CAPG_	CAPG	16	24	0.236152	11	2	0.068089
sp|P41091|IF2G_H	EIF2S3	11	19	0.234444	16	10	0.568693
sp|P22234-2|PUR6_	PAICS	14	33	0.231764	11	12	0.148112
sp|P09960|LKHA4_	LTA4H	33	25	0.231619	21	9	0.189235
sp|Q9NR45|SIAS_H	NANS	8	6	0.229086	4	3	0.0930505
sp|Q86VS8|HOOK3	HOOK3	2	9	0.228313	0	1	0.276399
sp|P10599|THIO_H	TXN	14	15	0.226879	7	6	0.269474
sp|A5YKK6|CNOT1_	CNOT1	37	28	0.226185	9	2	0.156713

sp|P63244|GBLP_H	GNB2L1	17	31	0.223825	9	11	0.346276
sp|Q8TD16-2|BICD	BICD2	10	5	0.223729	0	1	0.434467
sp|P30041|PRDX6_	PRDX6	20	31	0.222711	6	9	0.330146
sp|P06744|G6PI_H	GPI	39	78	0.221539	29	37	0.042415
sp|P15848|ARSB_H	ARSB	0	7	0.220326	0	1	0.302043
sp|Q8WWM7-3|AT	ATXN2L	28	27	0.220092	6	9	0.0902133
sp|Q16763|UBE2S_	UBE2S	2	2	0.219473	2	3	-0.199985
sp|P36405|ARL3_H	ARL3	9	9	0.219369	4	1	-0.10656
sp|Q6PKG0|LARP1_	LARP1	26	17	0.219328	3	4	0.177591
sp|P42785|PCP_H	PRCP	0	21	0.219323	0	5	0.259349
sp|P06733|ENOA_	ENO1	202	199	0.218217	143	143	0.286999
sp|P62266|RS23_H	RPS23	8	11	0.217995	4	4	-0.204107
sp|P07741|APT_H	APRT	6	6	0.217614	3	3	0.0246372
sp|Q13228|SBP1_	SELENBP1	7	6	0.216787	4	3	0.503812
sp|Q9Y221|NIP7_H	NIP7	4	3	0.214317	3	1	0.0587385
sp|P62280|RS11_H	RPS11	9	11	0.214055	4	4	-0.0559981
sp|P54577|SYYC_H	YARS	43	76	0.212756	18	30	0.161982
sp|Q9NP79|VTA1_	VTA1	2	8	0.211625	4	6	-0.164712
sp|P14550|AK1A1_	AKR1A1	12	18	0.210043	10	6	1.07867
sp|P63220|RS21_H	RPS21	6	7	0.208408	10	7	0.339552
sp|Q9NTK5|OLA1_	OLA1	25	35	0.207598	12	19	0.207675
sp|Q9HCM3|K1549	KIAA1549	0	10	0.206655	0	1	-0.326525
sp|P63279|UBC9_	UBE2I	5	5	0.206471	3	1	0.0163695
sp|P00568|KAD1_	AK1	7	13	0.204769	3	3	0.456588
sp|Q7Z4V5|HDGR2	HDGFRP2	16	2	0.204198	5	2	-1.12121
sp|P07108-5|ACBP	DBI	8	12	0.20081	7	2	0.257482
sp|P16333|NCK1_	NCK1	0	5	0.200761	0	2	0.361564
sp|Q16880|CGT_H	UGT8	0	5	0.199289	0	1	0.0106616
sp|Q9UBK8|MTRR_	MTRR	2	5	0.196139	1	2	0.449427
sp|O14818|PSA7_	PSMA7	6	12	0.193369	3	8	0.135718
sp|O00303|EIF3F_	EIF3F	5	5	0.192051	4	1	0.319203
sp|P09211|GSTP1_	GSTP1	26	25	0.188891	23	15	0.43393
sp|O43768-4|ENSA	ENSA	7	14	0.188583	1	2	0.337875
sp|P15880|RS2_HU	RPS2	16	32	0.18615	8	9	-0.551713
sp|P15170-3|ERF3	GSPT1	27	41	0.186128	10	6	0.170718
sp|Q96DH6|MSI2H	MSI2	7	3	0.1844	3	3	0.146435
sp|Q14C86-6|GAP	GAPVD1	27	16	0.184117	8	3	0.105323
sp|Q9UHL4|DPP2_	DPP7	1	3	0.182543	0	2	1.56718
sp|P25789|PSA4_H	PSMA4	9	15	0.182431	8	7	0.027943
sp|P22314|UBA1_	UBA1	43	47	0.181898	16	19	0.299677
sp|P00558|PGK1_	PGK1	67	117	0.181336	56	50	0.0758461
sp|P61019|RAB2A_	RAB2A	3	7	0.179752	4	7	0.162977
sp|P11940|PABP1_	PABPC1	28	51	0.179666	14	16	0.173101
sp|Q9H098-2|F107	FAM107B	10	11	0.175767	2	2	0.325848
sp|P68402|PA1B2_	PAFAH1B2	11	14	0.174636	2	1	-0.0648881

sp|P49591|SYSC_H	SARS	12	25	0.173613	9	5	0.264236
sp|Q96IJ6-2|GMPP	GMPPA	4	3	0.173298	1	1	-0.417896
sp|P62316|SMD2_	SNRPD2	12	14	0.17227	9	1	-0.571584
sp|P49721|PSB2_H	PSMB2	4	6	0.170323	2	1	0.290863
sp|Q99829|CPNE1_	CPNE1	11	10	0.169954	5	3	0.266256
sp|Q16527|CSRP2_	CSRP2	5	16	0.169381	1	1	0.114308
sp|O95163|ELP1_H	IKBKAP	21	20	0.168933	7	6	-0.0812895
sp|Q9Y376|CAB39_	CAB39	5	13	0.168289	1	2	0.14732
sp|P16152|CBR1_H	CBR1	16	27	0.167615	14	11	-0.584013
sp|Q6FI13|H2A2A_	HIST2H2AA3	19	16	0.167595	13	12	0.214583
sp|P20962|PTMS_	PTMS	11	1	0.166995	4	2	0.508635
sp|Q99707|METH_	MTR	12	6	0.166524	0	1	-0.867734
sp|Q9H6T3|RPAP3_	RPAP3	6	12	0.165091	2	3	0.108352
sp|P16949-2|STMN	STMN1	8	16	0.164135	2	5	0.388899
sp|P62701|RS4X_H	RPS4X	26	38	0.163236	25	19	-0.112103
sp|P61011|SRP54_	SRP54	10	6	0.161716	7	2	-0.174792
sp|P00390|GSHR_	GSR	12	17	0.160396	8	2	0
sp|P11413-2|G6PD	G6PD	19	24	0.160379	13	12	0.251663
sp|P21283|VATC1_	ATP6V1C1	0	15	0.158565	0	5	-0.146118
sp|Q9HC38|GLOD4	GLOD4	14	11	0.158272	5	1	0.106844
sp|P52565|GDIR1_	ARHGDIA	17	24	0.157277	12	9	0.324526
sp|Q86UE4|LYRIC_	MTDH	18	67	0.153838	12	26	0.000693967
sp|Q9H0W9|CK054	C11orf54	6	8	0.153253	3	1	0.549748
sp|Q9UNH7|SNX6_	SNX6	5	4	0.150948	2	1	0.108001
sp|Q9UHA4|LTOR3	LAMTOR3	4	8	0.150646	0	2	0.0240817
sp|P16401|H15_H	HIST1H1B	10	13	0.150167	5	5	0.208984
sp|P29144|TPP2_H	TPP2	21	30	0.1473	9	20	0.257369
sp|P11766|ADHX_	ADH5	9	23	0.147134	10	10	0.207712
sp|P20290|BTF3_H	BTF3	19	24	0.146915	12	10	0.154158
sp|O75832|PSD10_	PSMD10	11	9	0.146645	10	1	0.575088
sp|P47712|PA24A_	PLA2G4A	22	33	0.146041	6	5	0.103767
sp|A1X283|SPD2B_	SH3PXD2B	17	22	0.144761	2	1	0.295685
sp|Q8ND56-2|LS14	LSM14A	1	2	0.143756	3	2	-0.310911
sp|P22102|PUR2_	GART	36	36	0.143641	8	7	0.169587
sp|O43237|DC1L2_	DYNC1LI2	8	11	0.143404	0	1	0.543931
sp|Q96KG9|NTKL_	SCYL1	17	4	0.142331	8	4	-0.237562
sp|Q9NSD9|SYFB_	FARSB	17	43	0.141886	11	13	0.0689879
sp|P56192|SYMC_	MARS	26	40	0.140675	11	30	0.0276006
sp|P63104|1433Z_	YWHAZ	17	32	0.139928	23	27	0.273851
sp|O14975|S27A2_	SLC27A2	0	3	0.139727	0	1	0.370739
sp|P21926|CD9_H	CD9	1	10	0.137345	0	2	0.113523
sp|P55884-2|EIF3B	EIF3B	37	30	0.136954	10	17	0.116734
sp|O60884|DNJA2_	DNAJA2	11	14	0.136861	13	5	-0.156185
sp|P82979|SARNP_	SARNP	15	2	0.132428	4	1	-0.701851
sp|P20810-6|ICAL_	CAST	33	37	0.127483	15	12	0.154157

sp|Q9UBV8|PEF1_	PEF1	2	2	0.126233	0	2	0.0755016
sp|P28066|PSA5_H	PSMA5	10	17	0.125495	8	4	-0.136964
sp|Q9BY44|EIF2A_	EIF2A	15	19	0.125385	11	11	-0.188215
sp|P29218-3|IMPA	IMPA1	3	4	0.124178	3	1	0.807358
sp|P02686|MBP_H	MBP	0	2	0.124038	0	3	-0.569879
sp|Q2PPJ7|RGPA2_	RALGAPA2	2	5	0.122285	1	1	-0.426199
sp|P18669|PGAM1	PGAM1	21	49	0.11532	20	12	0.246101
sp|Q6NUQ4|TM21	TMEM214	2	8	0.112033	1	3	-0.351648
sp|O95486|SC24A_	SEC24A	8	3	0.11142	0	2	-0.399429
sp|O15347|HMGB	HMGB3	10	10	0.11115	10	5	0.0694911
sp|P62841|RS15_H	RPS15	30	41	0.110086	20	8	-0.108354
sp|Q6AI08|HEAT6_	HEATR6	2	2	0.109354	2	3	-0.0839663
sp|P30419|NMT1_	NMT1	22	24	0.10888	10	7	0.184222
sp|P46781|RS9_H	RPS9	8	13	0.108085	4	3	-0.256603
sp|P45974|UBP5_	USP5	23	28	0.106882	3	8	-0.212701
sp|Q13445|TMED1	TMED1	3	6	0.106685	2	3	-0.232301
sp|P50238|CRIP1_	CRIP1	4	7	0.106678	2	3	0.343122
sp|Q14444|CAPR1_	CAPRIN1	24	25	0.104679	5	22	0.00605096
sp|Q9NQ88|TIGAR	TIGAR	4	4	0.104036	2	3	0.722587
sp|P30153|2AAA_	PPP2R1A	15	32	0.101757	9	7	0.057975
sp|O75821|EIF3G_	EIF3G	14	19	0.101513	7	12	0.0814105
sp|P55786|PSA_H	NPEPPS	56	72	0.100732	18	30	-0.0661485
sp|Q92900|RENT1_	UPF1	17	11	0.100173	7	2	0.0665401
sp|Q13838-2|DX39	DDX39B	22	9	0.100102	16	3	-0.173437
sp|Q9BVK6|TMED	TMED9	5	12	0.0987199	3	6	0.168231
sp|Q9Y2H6|FND3A	FNDC3A	16	31	0.0980199	3	10	0.381102
sp|Q9H788|SH24A	SH2D4A	7	17	0.095812	2	3	-0.118292
sp|Q9Y547|IFT25_	HSPB11	3	3	0.0929305	0	1	2.62851
sp|Q06210-2|GFPT	GFPT1	15	27	0.0922187	4	8	0.175959
sp|P46783|RS10_H	RPS10	7	11	0.0916489	4	2	-0.0631037
sp|Q9UBW8|CSN7	COPS7A	5	3	0.0907163	4	1	0.154204
sp|Q15046-2|SYK_	KARS	18	17	0.0868842	11	5	0
sp|P17980|PRS6A_	PSMC3	28	39	0.0867358	20	11	0.053412
sp|Q9Y2V2|CHSP1_	CARHSP1	6	7	0.0853053	2	1	0
sp|Q9P289|MST4_	MST4	5	15	0.0852501	0	1	0.129205
sp|Q9NZT2|OGFR_	OGFR	10	5	0.0850652	4	6	-0.2735
sp|Q9UQ13|SHOC2	SHOC2	0	5	0.084488	0	3	-0.0850257
sp|Q14689|DIP2A_	DIP2A	1	2	0.08258	0	2	-1.27586
sp|P61247|RS3A_H	RPS3A	38	81	0.0817419	13	17	0
sp|Q9Y5S2|MRCKB	CDC42BPB	9	21	0.0814261	4	3	-0.278057
sp|Q92905|CSN5_	COPS5	10	8	0.0807803	3	1	-0.425544
sp|Q9Y5B9|SP16H_	SUPT16H	43	7	0.0797154	10	1	-0.589848
sp|P51858|HDGF_	HDGF	18	10	0.078967	8	2	-0.0587008
sp|Q13765-2|NAC	NACA	20	37	0.0786152	15	23	0.099916
sp|P62851|RS25_H	RPS25	5	9	0.0758325	3	3	-0.151781

sp|P62847-4|RS24_	RPS24	15	18	0.0750098	4	3	-0.0134199
sp|Q9BTT0|AN32E_	ANP32E	8	2	0.0740883	8	8	0.818313
sp|Q9H173|SIL1_H	SIL1	2	9	0.0740266	1	4	-0.0357638
sp|P54136|SYRC_H	RARS	27	44	0.0721676	12	19	0.0436887
sp|Q9BY67-3|CADM	CADM1	1	12	0.0714398	0	11	0.154723
sp|P05362|ICAM1_	ICAM1	1	10	0.0714154	0	4	0.190096
sp|Q29865|1C18_	HLA-C	0	7	0.0712793	0	3	0.217823
sp|P46782|RS5_HU	RPS5	7	11	0.0701105	4	3	-0.092765
sp|O43324|MCA3_	EEF1E1	9	16	0.0697725	4	2	0.0827354
sp|Q9Y285|SYFA_H	FARSA	9	26	0.0696176	9	20	-0.233612
sp|P00491|PNPH_	PNP	9	13	0.0690107	7	2	0.421642
sp|Q9UMR2|DD19	DDX19B	13	18	0.0686177	6	8	0.24688
sp|Q96P70|IPO9_H	IPO9	16	16	0.0685125	3	5	0.164525
sp|P49773|HINT1_	HINT1	15	2	0.0684532	7	4	0.300798
sp|Q14240-2|IF4A2	EIF4A2	18	32	0.0671741	5	11	-0.208593
sp|P11908-2|PRPS2	PRPS2	7	4	0.0646946	0	2	-0.355646
sp|Q9NZ53|PDXL2_	PODXL2	1	10	0.0645578	1	4	-0.0735329
sp|P13798|ACPH_	APEH	13	37	0.0634239	8	7	-0.0327182
sp|P61513|RL37A_	RPL37A	0	5	0.0622884	2	2	-0.664245
sp|P48029|SC6A8_	SLC6A8	0	8	0.0596625	0	10	0.254219
sp|Q13283|G3BP1_	G3BP1	19	21	0.0588255	3	6	-0.252901
sp|P23588|IF4B_HU	EIF4B	17	29	0.0584131	11	13	0.141735
sp|Q08945|SSRP1_	SSRP1	22	4	0.0546782	5	2	-0.706586
sp|P08107|HSP71_	HSPA1A	50	98	0.0532054	39	55	0.0319344
sp|P14735|IDE_HU	IDE	31	22	0.0508067	4	3	-0.423073
sp|Q9NQP4|PFD4_	PFDN4	2	3	0.0496714	3	5	0.283555
sp|P30626|SORCN_	SRI	4	11	0.0488787	4	4	-0.0299273
sp|Q92995|UBP13_	USP13	6	4	0.0464373	0	1	-0.048194
sp|P05386|RLA1_H	RPLP1	4	5	0.0458503	2	4	-0.352896
sp|Q99961|SH3G1_	SH3GL1	5	4	0.0454677	0	2	0.141698
sp|O15027-5|SC16	SEC16A	21	9	0.045341	5	1	0.0366623
sp|P10768|ESTD_H	ESD	8	12	0.0453294	5	7	0.101414
sp|P10909-2|CLUS_	CLU	2	11	0.0451681	0	1	-0.0599101
sp|P40925-3|MDH	MDH1	13	13	0.0451608	9	7	0.00934901
sp|O14744|ANM5_	PRMT5	8	13	0.0438746	2	4	0.071163
sp|Q9UKM7|MA1B	MAN1B1	5	27	0.0423917	1	7	0.378577
sp|P62241|RS8_HU	RPS8	9	14	0.042151	4	10	-0.0110308
sp|P53041|PPP5_H	PPP5C	2	7	0.0414156	2	1	-0.208214
sp|Q96QK1|VPS35_	VPS35	12	28	0.0404095	8	12	0.0593612
sp|P04080|CYTB_H	CSTB	7	12	0.0365091	6	8	0.234148
sp|Q9BY32|ITPA_H	ITPA	9	13	0.0358422	5	4	-0.0273564
sp|P23396|RS3_HU	RPS3	26	61	0.0348153	14	27	-0.0607267
sp|Q16706|MA2A1	MAN2A1	5	32	0.0346451	0	10	0.312558
sp|P41250|SYG_HU	GARS	23	54	0.0341021	15	28	0.0579518
sp|P09417|DHPR_	QDPR	17	6	0.0338126	5	5	-1.32342

sp|Q8TAD4|ZNT5_I	SLC30A5	0	5	0.0315013	0	3	0.210562
sp|Q14739|LBR_HU	LBR	1	7	0.0302012	0	2	-0.460086
sp|O14967|CLGN_I	CLGN	23	46	0.0293075	6	20	0.169677
sp|Q9UHV9|PFD2_	PFDN2	5	6	0.0290449	3	2	-0.0165814
sp|P51665|PSMD7	PSMD7	14	17	0.0278569	4	5	-0.21676
sp|Q03169|TNAP2_	TNFAIP2	0	4	0.0277551	0	3	-0.116949
sp|O00233|PSMD9	PSMD9	4	5	0.0276149	1	1	0.0584648
sp|P61764-2|STXB1	STXBP1	9	35	0.0272987	2	7	0.203203
sp|O00462|MANBA	MANBA	1	18	0.0259317	0	6	1.06695
sp|Q0VDF9|HSP7E_	HSPA14	6	2	0.0248046	0	1	-0.101544
sp|P07195|LDHB_I	LDHB	53	75	0.0245742	44	52	0.0396454
sp|P80303-2|NUCB	NUCB2	19	45	0.0228656	5	25	-0.0182907
sp|P07384|CAN1_I	CAPN1	5	10	0.0206408	2	4	-0.0647952
sp|O75569|PRKRA_	PRKRA	3	4	0.0205113	0	1	0.180951
sp|Q9BUL8|PDC10_	PDCD10	4	16	0.0204566	3	3	0.0316899
sp|O00299|CLIC1_I	CLIC1	9	27	0.019724	6	16	0.0163672
sp|Q9UHD9|UBQL2	UBQLN2	5	3	0.0179886	4	2	-0.284654
sp|O60841|IF2P_H	EIF5B	52	53	0.0171478	17	27	-0.0810119
sp|Q12797|ASPH_I	ASPH	26	71	0.0170377	9	31	-0.08048
sp|P31948|STIP1_I	STIP1	45	71	0.0169048	30	24	-0.161121
sp|Q9Y696|CLIC4_I	CLIC4	18	50	0.0146	17	24	0.0688215
sp|P08237-3|K6PF_	PFKM	10	23	0.0129337	4	2	0.114223
sp|O43776|SYNC_I	NARS	9	17	0.0115404	5	13	0.169174
sp|Q9UKY7|CDV3_I	CDV3	16	14	0.0115102	8	3	0.253465
sp|P34932|HSP74_	HSPA4	66	73	0.00987045	23	35	0.0113471
sp|Q9H2G2|SLK_H	SLK	35	77	0.00917019	19	25	0.119721
sp|P02511|CRYAB_	CRYAB	2	1	0.00395585	0	3	0.00485468
sp|Q9Y281|COF2_I	CFL2	10	17	0.00360961	5	6	-0.0133752
sp|A2RU67|K1467_	KIAA1467	0	7	0.00198584	0	5	0.22755
sp|Q7Z6K5|ARPIN_	ARPIN	4	2	0.00111599	1	1	-0.00140395
sp|P20645|MPRD_	M6PR	1	2	0	0	1	0
sp|P51790|CLCN3_	CLCN3	0	1	0	0	1	0
sp|Q9BTT6|LRRC1_	LRRC1	0	1	0	0	1	0
tr|J3KS25|J3KS25_I	EIF4A1	1	2	0	0	2	0
sp|Q9NVZ3|NECP2	NECAP2	1	4	0	0	1	0
sp|Q01581|HMCS1	HMGCS1	7	2	0	2	2	0
sp|Q9NPE3|NOP10	NOP10	6	1	0	2	1	0
sp|O14786|NRP1_I	NRP1	0	2	0	0	1	0
sp|Q9BTE1|DCTN5	DCTN5	0	2	0	1	1	0
sp|Q8IWP9|CC28A	CCDC28A	0	2	0	0	1	0
sp|Q8IXM6|NRM_I	NRM	1	1	0	1	1	0
sp|O43813|LANC1_	LANCL1	3	9	0	2	1	-0.285687
sp|Q9NW81-4|AT5	ATP5SL	0	1	0	1	1	0
sp|Q9C0C4|SEM4C	SEMA4C	1	2	0	0	4	0
sp|Q16401|PSMD5	PSMD5	5	7	0	4	2	0.419569

sp|Q5W111|SPRY7_	SPRYD7	1	2	0	0	1	0
sp|Q16563|SYPL1_	SYPL1	3	8	0	1	2	-0.0204741
tr|E9PQQ4|E9PQQ	HSPA8	2	2	0	2	2	0
sp|Q9UPI3|FLVC2_	FLVCR2	0	1	0	0	1	0
sp|Q7Z417|NUFP2_	NUFIP2	6	9	0	6	6	0
sp|O60831|PRAF2_	PRAF2	4	7	0	1	4	0
sp|P35244|RFA3_H	RPA3	7	4	0	4	2	-0.165542
sp|P61073-2|CXCR	CXCR4	3	22	0	0	1	0
sp|Q6UW78|CK083	C11orf83	2	3	0	1	3	0
sp|Q9NRX4|PHP14_	PHPT1	9	13	0	9	4	0.603345
sp|Q13488|VPP3_	TCIRG1	0	4	0	0	2	0
tr|E5RGH3|E5RGH	PABPC1	1	2	0	1	2	0
sp|Q9Y2Q5|LTOR2_	LAMTOR2	0	8	0	1	2	0.178668
sp|Q9GZP9|DERL2_	DERL2	1	3	0	1	2	0
sp|P35998|PRS7_H	PSMC2	22	29	0	14	6	-0.536339
sp|Q9UBG0|MRC2_	MRC2	2	14	0	1	6	0
sp|Q9UI12|VATH_	ATP6V1H	5	11	0	1	8	0.222747
sp|Q9H0U6|RM18_	MRPL18	2	5	0	3	2	0
sp|Q8TCZ2-5|C99L	CD99L2	0	5	0	0	3	0
sp|Q13541|4EBP1_	EIF4EBP1	3	4	0	5	1	0
tr|H3BR04|H3BR04	ALDOA	3	4	0	1	3	0
sp|P51798|CLCN7_	CLCN7	0	2	0	0	1	0
sp|Q9NRR8|C42S1_	CDC42SE1	0	2	0	0	1	0
sp|O60830-2|TI17	TIMM17B	1	2	0	0	1	0
sp|Q9BQE3|TBA1C_	TUBA1C	2	4	0	3	7	0
sp|Q9NX76|CKLF6_	CMTM6	1	4	0	1	1	0
sp|O76003|GLRX3_	GLRX3	14	15	0	9	6	-0.29754
sp|O14828|SCAM3_	SCAMP3	6	11	0	4	12	0
sp|P62277|RS13_H	RPS13	4	9	0	2	2	-0.126127
sp|P53801|PTTG_H	PTTG1IP	1	5	0	1	4	0
sp|P18464|1B51_H	HLA-B	1	18	0	2	15	0
sp|P31641|SC6A6_	SLC6A6	0	14	0	0	5	0
sp|P35268|RL22_H	RPL22	10	14	0	6	8	0
sp|P60842|IF4A1_	EIF4A1	28	33	0	22	16	-0.107949
sp|Q9HB40|RISC_H	SCPEP1	15	61	0	3	12	1.33204
sp|Q8NC51-2|PAIR	SERBP1	46	69	0	11	16	-0.16164
sp|P37802|TAGL2_	TAGLN2	21	40	0	16	26	0
sp|A6NN79|PERPL_HUMAN		2	6	0	0	3	0
sp|P08238|HS90B_	HSP90AB1	89	122	0	58	93	0.0173029
sp|Q8NC51-3|PAIR	SERBP1	6	11	-0.000207672	6	12	-0.0942225
sp|P51151|RAB9A_	RAB9A	4	15	-0.000916303	0	5	0.0838946
sp|Q92817|EVPL_	EVPL	14	9	-0.00129232	5	1	0.128847
sp|Q8TB61|S35B2_	SLC35B2	1	7	-0.00176878	0	2	-0.260499
sp|O75436|VP26A_	VPS26A	9	4	-0.00341286	4	1	0.658086
sp|O60506|HNRPQ	SYNCRIP	35	46	-0.00398795	21	23	0.063431

sp|Q9HCS5|E41LA_	EPB41L4A	0	5	-0.00482944	0	3	0.265157
sp|Q13409-3|DC1I	DYNC1I2	10	38	-0.00540095	3	5	0.22409
sp|Q9Y5A9|YTHD2	YTHDF2	4	3	-0.00552578	2	1	0.251677
sp|P43487|RANG_	RANBP1	9	16	-0.00590776	9	4	0.000464327
sp|Q7L2H7|EIF3M_	EIF3M	8	15	-0.00596248	2	3	0.371644
sp|O95864|FADS2_	FADS2	3	16	-0.00752558	2	5	0.02371
sp|P62826|RAN_H	RAN	27	25	-0.00869463	14	8	0.0412138
sp|P00533|EGFR_H	EGFR	6	25	-0.011153	2	16	0.0464712
sp|O15438-4|MRP	ABCC3	0	36	-0.0112411	0	12	-0.0110015
sp|P14209|CD99_	CD99	9	30	-0.0132293	3	23	-0.083632
sp|Q8TEM1|PO210	NUP210	27	37	-0.0138459	10	9	0.135522
sp|Q8NFJ5|RAI3_H	GPRC5A	0	10	-0.014138	0	8	-0.19335
sp|O15320-5|CTGE	CTAGE5	10	16	-0.0146214	1	4	0.289976
sp|P36871-2|PGM	PGM1	27	27	-0.016796	12	8	-0.0856694
sp|Q13442|HAP28	PDAP1	11	22	-0.0170723	6	8	-0.104036
sp|P21399|ACOC_	ACO1	21	40	-0.0171458	5	11	-0.181566
sp|P10619|PPGB_	CTSA	8	27	-0.0172977	3	7	0.936961
sp|Q9H089|LSG1_	LSG1	0	10	-0.0176967	0	1	0.056462
sp|O75781-2|PAL	PALM	2	27	-0.0191904	0	17	-0.194399
sp|Q96SB4-3|SRPK	SRPK1	10	7	-0.0195269	2	2	0.258392
sp|P42166|LAP2A_	TMPO	12	8	-0.0206346	9	1	-0.363357
sp|P17931|LEG3_H	LGALS3	3	6	-0.0211909	3	3	-0.0945955
sp|Q02750|MP2K1	MAP2K1	14	17	-0.0218084	11	10	-0.0339908
sp|P16278|BGAL_	GLB1	9	40	-0.0229003	1	21	1.09569
sp|Q00796|DHSO_	SORD	10	11	-0.0234099	1	2	-0.270586
sp|Q13277|STX3_H	STX3	0	3	-0.023866	0	4	0.168513
sp|Q6UW68|TM20	TMEM205	2	3	-0.0240432	1	1	0.0929513
sp|P35241|RADI_H	RDX	22	76	-0.0254101	12	38	-0.147026
sp|P22392-2|NDKB	NME2	56	82	-0.0273711	41	27	0.0695439
sp|P62753|RS6_H	RPS6	9	24	-0.0302145	7	6	-0.301923
sp|Q15418-2|KS6A	RPS6KA1	7	17	-0.0303403	2	4	0.243071
sp|Q5QNW6-2|H2	HIST2H2BF	26	20	-0.0307755	12	3	-0.364041
sp|Q13177|PAK2_	PAK2	12	17	-0.0313533	16	3	-0.500359
sp|Q9NX62|IMPA3	IMPAD1	1	8	-0.032333	0	2	-0.238602
sp|Q08209|PP2BA_	PPP3CA	6	6	-0.0339189	0	2	-0.318884
sp|Q9BTZ2|DHRS4	DHRS4	1	3	-0.0354191	5	5	0.196955
sp|Q9UHB9|SRP68	SRP68	15	8	-0.0361779	1	1	-0.570503
sp|O75175|CNOT3	CNOT3	7	6	-0.0370727	6	2	-0.322592
sp|P36507|MP2K2	MAP2K2	10	15	-0.0380907	9	4	0.0404514
sp|Q8IVL6|P3H3_H	LEPREL2	12	25	-0.0383035	1	10	-0.302567
sp|Q04637-9|IF4G	EIF4G1	69	66	-0.0400626	30	22	-0.115997
sp|Q13162|PRDX4_	PRDX4	4	11	-0.0401363	6	10	-0.257664
sp|Q15185|TEBP_	PTGES3	7	8	-0.0407012	4	2	0.207344
sp|P05387|RLA2_H	RPLP2	24	35	-0.0410961	21	16	-0.500058
sp|Q9UBQ0-2|VPS	VPS29	4	7	-0.0421751	3	1	-0.56506

sp|Q9NQS3|PVRL3_	PVRL3	0	3	-0.0431586	0	3	1.22114
sp|Q16881|TRXR1_	TXNRD1	14	27	-0.0443985	5	6	-0.191057
sp|Q9H6V9-2|CB04	C2orf43	1	1	-0.0447031	2	1	-0.0454205
sp|Q9NUM4|T106	TMEM106B	0	8	-0.0450928	0	4	0.199396
sp|O60271|JIP4_H	SPAG9	41	15	-0.045254	9	3	0.345533
sp|O60664|PLIN3_	PLIN3	15	19	-0.0458584	9	1	-0.335105
sp|Q13085-4|ACAC	ACACA	77	54	-0.0461716	29	12	-0.174999
sp|P06730-2|IF4E_	EIF4E	8	19	-0.04894	4	3	-0.361585
sp|Q9NVS9|PNPO_	PNPO	7	12	-0.0501114	2	1	-0.534188
sp|P49207|RL34_H	RPL34	2	4	-0.0505666	0	1	-0.446245
sp|Q15642|CIP4_H	TRIP10	3	6	-0.0534905	5	4	-0.26727
sp|Q99460|PSMD1	PSMD1	41	31	-0.0540205	17	8	-0.243677
sp|Q10471|GALT2_	GALNT2	15	66	-0.0540548	9	32	-0.100663
sp|Q9BTW9-4|TBC	TBCD	8	6	-0.0574238	1	1	0.225428
sp|P47813|IF1AX_	EIF1AX	6	11	-0.0581775	4	1	-0.129388
sp|P62937|PPIA_H	PPIA	24	19	-0.0583103	6	6	-0.153183
sp|Q99733|NP1L4_	NAP1L4	9	12	-0.0592551	7	9	-0.135143
sp|Q86SF2|GALT7_	GALNT7	8	36	-0.0614015	0	10	-0.0400049
sp|P36941|TNR3_	LTBR	0	3	-0.0614897	0	2	-0.108599
sp|P35658|NU214_	NUP214	60	16	-0.0619536	27	1	-0.543614
sp|P61088|UBE2N_	UBE2N	11	26	-0.0621769	8	6	-0.045088
sp|Q14204|DYHC1	DYNC1H1	215	317	-0.0628083	99	101	-0.0536084
sp|P63218|GBG5_	GNG5	3	6	-0.0632214	0	4	-0.214285
sp|Q5VYK3|ECM29	ECM29	48	28	-0.0635893	3	5	0.0235909
sp|Q9Y6E0|STK24_	STK24	11	24	-0.0643417	5	7	0.170533
sp|Q99805|TM9S2	TM9SF2	8	18	-0.0646751	6	18	0.0852387
sp|O00461|GOLI4_	GOLIM4	10	35	-0.0657297	2	15	-0.358677
sp|O94923|GLCE_	GLCE	0	6	-0.0657909	1	2	0.10995
sp|P35580|MYH10	MYH10	3	8	-0.0671402	3	6	0.00894039
sp|Q9UP95-7|S12A	SLC12A4	3	7	-0.0671439	0	3	0.0135427
sp|Q8NCW5|NNRE	APOA1BP	7	11	-0.0685243	8	7	-0.00474066
sp|P31150|GDIA_H	GDI1	26	35	-0.0686388	15	13	0.415081
sp|P36404|ARL2_H	ARL2	4	9	-0.0688376	0	1	-0.216204
sp|Q9UBQ7|GRHP	GRHPR	7	4	-0.0696816	1	1	-0.224509
sp|Q9BRP8|WIBG_	WIBG	7	11	-0.0700149	8	2	0.0655198
sp|Q9BY89|K1671_	KIAA1671	14	20	-0.0703438	5	2	0.677004
sp|P50990|TCPQ_	CCT8	44	81	-0.0707448	42	28	-0.0812485
sp|O15305|PMM2	PMM2	5	14	-0.0715305	4	3	0.159122
sp|P21980|TGM2_	TGM2	20	24	-0.0717886	6	8	0.208885
sp|O43242|PSMD3	PSMD3	22	29	-0.0718921	12	26	-0.2439
sp|P84098|RL19_H	RPL19	9	17	-0.0745758	1	2	-0.0222302
sp|Q92538|GBF1_	GBF1	22	22	-0.0752345	13	4	-0.056906
sp|Q8NI22|MCFD2	MCFD2	3	14	-0.0754642	4	7	-0.0647062
sp|P30457|1A66_H	HLA-A	1	4	-0.0768077	0	3	-0.314195
sp|O60427|FADS1_	FADS1	7	16	-0.0776205	2	7	-0.60968

sp|Q9HAU0-4|PKH	PLEKHA5	9	12	-0.0776483	8	9	0.363877
sp|Q3V6T2|GRDN_	CCDC88A	6	4	-0.0786928	1	1	-1.3572
sp|Q13435|SF3B2_	SF3B2	54	1	-0.0788943	4	2	-0.0301329
sp|Q9NZB2-6|F120	FAM120A	20	13	-0.0790406	4	4	-0.547405
sp|Q9BZX2|UCK2_	UCK2	4	1	-0.0794287	1	1	-0.407948
sp|Q00535|CDK5_	CDK5	10	2	-0.0797988	4	1	0.410699
sp|P06753|TPM3_	TPM3	12	32	-0.080872	5	14	-0.23016
sp|Q9H2J7|S6A15_	SLC6A15	1	10	-0.0815231	0	3	-0.127225
sp|Q9HA64|KT3K_	FN3KRP	4	3	-0.0817956	4	2	0.0609671
sp|O95881|TXD12_	TXNDC12	11	24	-0.0827225	3	11	-0.0974732
sp|P62081|RS7_HU	RPS7	15	28	-0.0834944	9	2	-0.204794
sp|Q5VW32|BROX_	BROX	7	7	-0.0836011	6	4	-0.299512
sp|Q15008|PSMD6	PSMD6	9	10	-0.0845407	3	4	-0.193729
sp|Q99471|PFD5_	PFDN5	11	11	-0.0848231	7	6	0.0221925
sp|P09651|ROA1_	HNRNPA1	37	28	-0.0853583	25	16	-0.238296
sp|P47897|SYQ_H	QARS	31	36	-0.0857388	10	10	-0.0709885
sp|Q16531|DDB1_	DDB1	39	16	-0.0860183	18	1	0.129942
sp|O60488|ACSL4_	ACSL4	13	104	-0.0870359	6	49	-0.153945
sp|P30876|RPB2_H	POLR2B	11	4	-0.0886113	4	2	-0.76861
sp|P55072|TERA_H	VCP	47	64	-0.0895188	10	18	0.00573855
sp|P37837|TALDO_	TALDO1	21	15	-0.0902618	16	4	0.0852735
sp|P60891|PRPS1_	PRPS1	6	10	-0.0903941	1	1	0.579895
sp|Q9HC35|EMAL4	EML4	9	10	-0.0905962	4	3	0
sp|P49792|RBP2_H	RANBP2	113	6	-0.0909866	44	1	0.288784
sp|Q5F1R6-3|DJC2	DNAJC21	7	5	-0.0921919	5	3	0.0793489
sp|P26640|SYVC_H	VARS	17	14	-0.092532	3	5	0.0160052
sp|O75298|RTN2_	RTN2	0	1	-0.0927483	0	1	-0.682556
sp|Q16864-2|VATF	ATP6V1F	2	2	-0.0928894	1	1	0.284542
sp|Q68EM7|RHG1	ARHGAP17	25	39	-0.0946078	6	13	-0.00858679
sp|P00374|DYR_H	DHFR	8	9	-0.0949817	1	1	-0.341899
sp|P43490|NAMPT	NAMPT	18	17	-0.0991537	8	6	0.18848
sp|O75340|PDCD6	PDCD6	5	10	-0.0996011	4	4	0.313866
sp|P23142-3|FBLN	FBLN1	2	5	-0.10065	2	3	-0.142714
sp|Q14694-2|UBP1	USP10	11	10	-0.100891	1	3	-0.0245739
sp|P61163|ACTZ_H	ACTR1A	11	13	-0.100904	2	11	-0.184046
sp|P02545-2|LMN	LMNA	53	35	-0.101333	30	12	-0.0342005
sp|P00338-3|LDHA	LDHA	51	65	-0.101499	25	38	-0.0904624
sp|Q14155-5|ARH	ARHGEF7	5	14	-0.102102	3	3	-0.351885
sp|P38606|VATA_	ATP6V1A	8	28	-0.104384	3	10	0.131735
sp|P13639|EF2_HU	EEF2	129	189	-0.10648	29	73	-0.169749
sp|Q15714|T22D1_	TSC22D1	8	3	-0.107195	2	1	0.0869162
sp|P54727|RD23B_	RAD23B	10	7	-0.107433	3	2	0.0444511
sp|P63098|CANB1_	PPP3R1	6	8	-0.107785	4	2	-0.314726
sp|O00231-2|PSD1	PSMD11	25	29	-0.107842	10	5	-0.244792
sp|Q9Y5X3|SNX5_	SNX5	2	2	-0.111622	1	2	-0.0102146

sp|P16402|H13_HU	HIST1H1D	19	35	-0.11179	10	15	-0.112259
sp|P54578|UBP14_	USP14	12	9	-0.111962	10	1	0.0175645
sp|Q7KZF4|SND1_H	SND1	34	56	-0.112625	18	28	-0.116547
sp|Q14980|NUMA1	NUMA1	70	9	-0.113509	31	1	-0.0495517
sp|P10155|RO60_H	TROVE2	8	5	-0.11409	5	1	0.138764
sp|P20340-2|RAB6A	RAB6A	11	24	-0.114283	0	9	-0.169116
sp|P42677|RS27_H	RPS27	7	11	-0.114716	8	6	-0.379557
sp|P52435|RPB11_	POLR2J	0	2	-0.114887	1	1	-0.536336
sp|Q92520|FAM3C_	FAM3C	4	20	-0.115099	3	11	-0.0177408
sp|P18084|ITB5_HU	ITGB5	3	26	-0.115221	0	14	-0.187004
sp|P62258|1433E_H	YWHAE	19	57	-0.117438	22	23	-0.0390374
sp|P36952|SPB5_H	SERPINB5	28	37	-0.117812	19	19	-0.254303
sp|Q9Y6M7-13|S4A	SLC4A7	2	75	-0.118149	4	33	-0.123798
sp|Q9Y2Z0|SUGT1_	SUGT1	15	18	-0.120491	6	3	0.0658202
sp|P61086|UBE2K_	UBE2K	3	5	-0.121392	2	1	0.0296526
sp|Q9BV86|NTM1A	NTMT1	1	2	-0.122122	2	2	-0.175793
sp|P31947|1433S_H	SFN	21	41	-0.122859	14	14	0.174972
sp|Q8NB90|SPAT5_	SPATA5	10	7	-0.123345	2	2	0.0831704
sp|O60869|EDF1_H	EDF1	6	11	-0.124411	6	5	-0.421847
sp|P40227|TCPZ_H	CCT6A	37	57	-0.124869	19	21	-0.202294
sp|P04062|GLCM_H	GBA	5	19	-0.127705	2	10	-0.274063
sp|Q8NE71|ABCF1_	ABCF1	30	52	-0.130332	16	35	-0.151706
sp|Q9Y3F4|STRAP_	STRAP	21	30	-0.130378	11	9	-0.211743
sp|Q96EY4|TMA16_	TMA16	2	2	-0.130435	1	1	0.269415
sp|Q9BT78|CSN4_H	COPS4	5	4	-0.130975	3	2	0.132581
sp|P17655|CAN2_H	CAPN2	17	10	-0.132862	2	5	-0.115399
sp|O75937|DNJC8_	DNAJC8	16	11	-0.132947	6	2	-1.0908
sp|P50895|BCAM_H	BCAM	0	3	-0.133145	0	2	0.120631
sp|Q13867|BLMH_	BLMH	7	11	-0.134208	1	2	-0.475081
sp|Q9HBH5|RDH14	RDH14	1	1	-0.135997	1	3	-0.522103
sp|O75534-3|CSDE	CSDE1	29	34	-0.137314	16	10	-0.0482028
sp|O60502|NCOAT_	MGEA5	12	15	-0.137388	6	3	-0.311537
sp|P78371|TCPB_H	CCT2	38	66	-0.138763	26	33	-0.15237
sp|Q9UNS2|CSN3_H	COPS3	6	5	-0.140743	5	2	-1.04605
sp|P46777|RL5_HU	RPL5	52	80	-0.140826	35	50	-0.379999
sp|Q9Y4P3|TBL2_H	TBL2	2	14	-0.140945	0	7	0.0935235
sp|Q15366-5|PCBP	PCBP2	23	23	-0.141219	14	9	-0.115484
sp|Q92504|S39A7_	SLC39A7	0	4	-0.14243	0	2	0.408059
sp|Q9HD45|TM9S3	TM9SF3	9	36	-0.142547	2	14	-0.4669
sp|Q8NBZ7-2|UXS1	UXS1	0	5	-0.143087	0	1	0.152081
sp|O43399|TPD54_	TPD52L2	13	33	-0.143332	3	5	-0.0793754
sp|O00443|P3C2A_	PIK3C2A	3	3	-0.14347	0	2	-0.838863
sp|P62805|H4_HUM	HIST1H4A	24	36	-0.144378	17	19	-0.139173
sp|P29401-2|TKT_H	TKT	67	75	-0.14487	39	29	-0.121299
sp|P55196-5|AFAD_	MLLT4	3	11	-0.144973	1	1	-0.210618

sp|P50991|TCPD_H	CCT4	26	52	-0.145576	13	14	-0.178587
sp|P61769|B2MG_	B2M	4	11	-0.146259	2	4	-0.189491
sp|P31946|1433B_	YWHAB	22	38	-0.148949	20	20	-0.202443
sp|Q13190|STX5_H	STX5	1	2	-0.151131	1	5	-0.0618844
sp|O43847-2|NRDC	NRD1	26	19	-0.151688	4	3	-0.0170931
sp|O43809|CPSF5_	NUDT21	6	8	-0.15171	3	3	-0.461016
sp|Q9HBH0|RHOF_	RHOF	0	10	-0.152452	0	2	-0.258397
sp|P22059|OSBP1_	OSBP	9	3	-0.152635	3	1	-0.515958
sp|Q9HB71|CYBP_H	CACYBP	27	42	-0.153053	20	22	-0.209065
sp|P35237|SPB6_H	SERPINB6	16	28	-0.154777	8	6	0.0925627
sp|O00170|AIP_HU	AIP	9	5	-0.156982	7	1	-0.141689
sp|P04406|G3P_HU	GAPDH	173	400	-0.157022	117	200	-0.156486
sp|P04626|ERBB2_	ERBB2	1	19	-0.157113	0	2	-1.33116
sp|P48729|KC1A_H	CSNK1A1	3	6	-0.159167	3	1	-0.687975
sp|Q9Y263|PLAP_H	PLAA	12	13	-0.160408	10	4	-0.216776
sp|O75822|EIF3J_H	EIF3J	18	33	-0.160682	16	6	-0.0243903
sp|P43034|LIS1_HU	PAFAH1B1	9	20	-0.160879	9	12	-0.210627
sp|P51812|KS6A3_	RPS6KA3	11	7	-0.16202	0	2	0.14518
sp|Q5VZK9|LR16A_	LRRC16A	7	9	-0.163398	2	7	-0.216999
sp|Q9HCU5|PREB_	PREB	0	4	-0.164091	0	2	-0.38469
sp|P62191|PRS4_H	PSMC1	17	14	-0.164881	10	10	-0.0493407
sp|P48643|TCPE_H	CCT5	34	60	-0.165651	16	24	-0.152964
sp|P12004|PCNA_H	PCNA	12	4	-0.166287	8	2	0.0575899
sp|Q16775|GLO2_H	HAGH	7	12	-0.166772	3	2	-0.119752
sp|P25685|DNJB1_	DNAJB1	11	14	-0.16708	5	10	-0.288506
sp|P49189|AL9A1_	ALDH9A1	4	3	-0.167091	2	1	-0.63985
sp|O94875-11|SRB	SORBS2	3	18	-0.167452	0	2	-0.13807
sp|Q02241|KIF23_H	KIF23	4	13	-0.170683	4	3	-0.0451382
sp|P46778|RL21_H	RPL21	10	23	-0.17117	9	9	-0.494164
sp|Q53TN4|CYBR1_	CYBRD1	1	7	-0.173379	0	2	0
sp|O94760|DDAH1	DDAH1	9	24	-0.173427	1	3	-0.351593
sp|P43686|PRS6B_	PSMC4	16	13	-0.175069	6	2	0.0859623
sp|Q13347|EIF3I_H	EIF3I	14	11	-0.176043	12	10	0.0834711
sp|P04075-2|ALDO	ALDOA	43	51	-0.176326	20	33	0
sp|Q96N67|DOCK7	DOCK7	7	11	-0.177895	1	2	-0.322747
sp|Q9HBL7|PLRKT_	PLGRKT	0	3	-0.178728	1	1	-0.0470489
sp|O15397|IPO8_H	IPO8	9	2	-0.178956	5	4	-0.789792
sp|P26641|EF1G_H	EEF1G	19	24	-0.179905	7	9	-0.0260517
sp|P23229|ITA6_HI	ITGA6	6	70	-0.180601	1	43	-0.130448
sp|Q86UY6|NAA40	NAA40	5	3	-0.180859	3	2	-0.0754293
sp|P62495|ERF1_H	ETF1	20	39	-0.18147	13	17	-0.202948
sp|P78344|IF4G2_H	EIF4G2	42	52	-0.182613	5	10	-0.375848
sp|Q8WWI1|LMO7	LMO7	34	43	-0.182862	8	23	-0.203721
sp|P08758|ANXA5_	ANXA5	18	36	-0.185448	16	16	-0.265775
sp|O00764|PDXK_H	PDXK	14	9	-0.185479	3	2	-0.390365

sp|P16989|YBOX3_	YBX3	10	17	-0.186081	8	12	-0.19053
sp|P27695|APEX1_	APEX1	7	9	-0.186111	6	7	-0.477769
sp|Q99832|TCPH_	CCT7	21	35	-0.187054	21	19	-0.220956
sp|P62899|RL31_H	RPL31	4	10	-0.188818	1	2	-0.182836
sp|P84077|ARF1_H	ARF1	4	5	-0.189441	3	1	-0.517945
sp|P13693|TCTP_H	TPT1	18	27	-0.190429	8	7	-0.214272
sp|Q96BM9|ARL8A	ARL8A	3	3	-0.191311	0	1	-0.385916
sp|P11171|41_HU	EPB41	5	59	-0.191668	1	33	-0.269568
sp|O95747|OXSR1_	OXSR1	10	14	-0.192133	4	2	-0.994319
sp|Q9Y3P9|RBGP1_	RABGAP1	24	9	-0.192883	5	2	1.41755
sp|Q9ULC4-3|MCT	MCTS1	5	3	-0.193111	2	2	-0.222477
sp|Q14914|PTGR1_	PTGR1	14	12	-0.194148	6	5	-0.174948
sp|P24534|EF1B_H	EEF1B2	22	41	-0.194467	16	17	-0.406354
sp|Q13200|PSMD2	PSMD2	20	27	-0.195355	10	10	-0.0657122
sp|Q9Y613|FHOD1_	FHOD1	4	24	-0.195847	1	4	-0.100973
sp|P35580-4|MYH1	MYH10	99	263	-0.196034	37	93	-0.232421
sp|O43583|DENR_	DENR	7	13	-0.19674	1	4	-0.444304
sp|O76094|SRP72_	SRP72	13	9	-0.197582	2	2	-1.16291
sp|Q9BRG1|VPS25_	VPS25	3	8	-0.197674	3	2	-0.243578
sp|P62913|RL11_H	RPL11	6	18	-0.198842	7	16	-0.463542
sp|Q96H20|SNF8_	SNF8	1	4	-0.198867	0	1	-0.394071
sp|Q8WTV0-2|SCRI	SCARB1	3	48	-0.199608	4	24	-0.0865025
sp|O00425|IF2B3_	IGF2BP3	25	35	-0.199974	4	14	-0.00589992
sp|Q5VW38|GP10	GPR107	2	7	-0.20012	0	1	-0.332336
sp|Q9BRK5|CAB45_	SDF4	2	30	-0.200364	0	11	-0.206738
sp|P68400|CSK21_	CSNK2A1	9	5	-0.2021	6	1	0.0359208
sp|P61254|RL26_H	RPL26	12	22	-0.202216	4	6	-0.505346
sp|Q9Y6E2|BZW2_	BZW2	11	9	-0.202446	4	6	0.509774
sp|P52597|HNRPF_	HNRNPF	15	2	-0.202607	15	2	-0.425475
sp|P50395|GDIB_H	GDI2	23	47	-0.20349	17	33	-0.288049
sp|P62750|RL23A_	RPL23A	13	37	-0.203887	14	16	-0.388923
sp|Q9UDY4|DNJB4	DNAJB4	5	11	-0.20694	1	6	-0.136923
sp|Q86VP6|CAND1	CAND1	49	68	-0.208974	10	25	-0.141834
sp|P52306-5|GDS1	RAP1GDS1	5	3	-0.209048	2	1	0
sp|Q01628|IFM3_	IFITM3	5	8	-0.210251	3	20	0.343282
sp|P15374|UCHL3_	UCHL3	9	6	-0.210621	4	5	-0.0864398
sp|Q9H3U1|UN45	UNC45A	19	21	-0.211023	7	7	-0.278724
sp|Q1KMD3|HNRL	HNRNPUL2	46	6	-0.211507	21	1	0.46022
sp|Q8NB16|MLKL_	MLKL	2	1	-0.211814	0	2	-2.57852
sp|Q9Y4F1-2|FARP	FARP1	2	50	-0.212003	0	7	-0.194748
sp|Q15800|MSMO	MSMO1	1	10	-0.212541	0	3	-0.29164
sp|Q04323-2|UBX	UBXN1	3	6	-0.213137	2	2	-0.0393742
sp|P07910|HNRPC_	HNRNPC	10	7	-0.213508	9	6	-0.0642407
sp|Q00839-2|HNR	HNRNPU	4	4	-0.213525	2	1	-0.740468
sp|P53990-5|IST1_	IST1	4	13	-0.213549	1	1	-0.324896

sp|Q92973|TNPO1_	TNPO1	37	46	-0.214419	10	14	0.0462585
sp|Q8N1G4|LRC47_	LRRC47	5	7	-0.215138	4	2	-0.322754
sp|O14745|NHRF1_	SLC9A3R1	11	41	-0.216117	5	16	-0.239099
sp|O75054|IGSF3_I	IGSF3	1	10	-0.216678	0	2	-2.50516
sp|O00232|PSD12_	PSMD12	21	12	-0.216757	6	9	-0.051072
sp|Q86UP2-2|KTN1	KTN1	2	4	-0.216872	0	2	-0.197785
sp|Q99614|TTC1_H	TTC1	4	8	-0.21709	4	2	-0.343823
sp|Q9C0C2|TB182_	TNKS1BP1	35	48	-0.22009	12	9	-0.209615
sp|P12429|ANXA3_	ANXA3	26	29	-0.223503	7	9	-0.0440814
sp|Q96JJ3|ELMO2_	ELMO2	2	6	-0.223825	0	3	-0.17194
sp|Q01105|SET_H	SET	31	30	-0.22509	21	17	-0.442788
sp|P50502|F10A1_	ST13	16	33	-0.225315	11	23	-0.313059
sp|P48507|GSH0_H	GCLM	5	8	-0.226639	4	1	-0.0796108
sp|Q9Y3U8|RL36_H	RPL36	5	7	-0.226963	1	1	-0.474761
sp|Q8WVC6|DCAK	DCAKD	1	1	-0.227583	0	2	-0.0310149
sp|Q9Y3B4|PM14_	SF3B14	8	4	-0.228276	3	1	-0.555075
sp|Q9BZF1|OSBL8_	OSBPL8	10	32	-0.230782	0	12	-0.390462
sp|P68363|TBA1B_	TUBA1B	61	114	-0.231087	40	65	-0.257401
sp|Q15365|PCBP1_	PCBP1	22	22	-0.231529	18	11	-0.160557
sp|P26196|DDX6_H	DDX6	16	24	-0.232081	13	5	-0.467698
sp|P18124|RL7_HU	RPL7	19	42	-0.233224	6	8	-0.446371
sp|Q07960|RHG01_	ARHGAP1	23	20	-0.233783	6	2	-0.637798
sp|Q9Y282-3|ERGI	ERGIC3	4	14	-0.234001	5	5	0.000698272
sp|Q92791|SC65_H	LEPREL4	3	4	-0.23476	0	4	-0.193254
sp|Q9BS26|ERP44_	ERP44	4	13	-0.235602	1	6	-0.31715
sp|P62829|RL23_H	RPL23	11	20	-0.236096	5	5	-0.492633
sp|Q15006|EMC2_	EMC2	5	11	-0.237402	2	2	0.00858896
sp|Q8NBJ7-3|SUM	SUMF2	7	12	-0.237601	6	10	-0.388754
sp|Q5VT25-6|MRC	CDC42BPA	7	30	-0.237741	0	3	-0.326167
sp|P58546|MTPN_	MTPN	6	9	-0.237958	4	5	-0.0494199
sp|P62195|PRS8_H	PSMC5	23	12	-0.238162	11	4	-0.0979345
sp|Q6PGP7|TTC37_	TTC37	27	40	-0.238767	9	11	-0.193845
sp|P29692-2|EF1D_	EEF1D	25	27	-0.238796	17	18	-0.18575
sp|Q92575|UBXN4_	UBXN4	3	4	-0.238966	1	5	0
sp|P67809|YBOX1_	YBX1	11	26	-0.240247	14	25	-0.430391
sp|P06213|INSR_H	INSR	0	10	-0.24133	0	2	-0.0684467
sp|Q9P258|RCC2_H	RCC2	12	9	-0.241997	11	2	-0.30857
sp|P78362-2|SRPK	SRPK2	11	7	-0.24367	3	4	0.268806
sp|Q14203-4|DCTN	DCTN1	36	46	-0.244625	13	13	-0.0965082
sp|O75179|ANR17_	ANKRD17	12	7	-0.244822	3	2	-1.04198
sp|Q8WUM4|PDC6	PDCD6IP	48	58	-0.245198	16	27	-0.244291
sp|P49368|TCPG_H	CCT3	32	36	-0.245764	9	15	-0.248612
sp|O43414|ERI3_H	ERI3	4	4	-0.245786	3	1	-0.0974221
sp|P52292|IMA1_H	KPNA2	11	12	-0.246268	6	5	-0.327189
sp|O15126|SCAM1_	SCAMP1	13	25	-0.247185	4	19	-0.267715

sp|P07099|HYEP_H	EPHX1	15	50	-0.247625	5	27	-0.24285
sp|P61956|SUMO2	SUMO2	11	10	-0.247824	8	5	0.226823
sp|O00571|DDX3X_	DDX3X	17	39	-0.248321	9	19	-0.242393
sp|P17987|TCPA_H	TCP1	30	40	-0.24889	11	12	-0.182023
sp|P13010|XRCC5_	XRCC5	62	64	-0.249301	27	22	-0.315253
sp|Q5T4S7-2|UBR4	UBR4	53	32	-0.249422	21	5	-0.431611
sp|Q92599|SEPT8_	8-Sep	9	19	-0.25054	4	12	-0.476794
sp|Q8TAA9|VANG1	VANGL1	0	3	-0.250603	0	2	-0.162419
sp|P68032|ACTC_H	ACTC1	2	2	-0.251109	0	4	-0.733582
sp|Q13620|CUL4B_	CUL4B	30	15	-0.251257	11	3	0.223362
sp|P61978-2|HNRP	HNRNPK	28	24	-0.252561	21	13	-0.0328025
sp|P48556|PSMD8_	PSMD8	20	19	-0.253241	14	8	-0.287288
sp|P42766|RL35_H	RPL35	5	10	-0.254336	0	4	-0.447741
sp|P40222|TXLNA_	TXLNA	11	17	-0.255037	1	3	-0.164684
sp|P19338|NUCL_	NCL	85	71	-0.255828	48	38	-0.23466
sp|P07737|PROF1_	PFN1	51	47	-0.257792	36	27	-0.266696
sp|P62244|RS15A_	RPS15A	11	14	-0.25805	3	6	-0.409088
sp|Q16186|ADRM1	ADRM1	5	1	-0.260194	0	1	-0.113353
sp|Q09028|RBBP4_	RBBP4	13	6	-0.261346	10	5	0.119271
sp|P17612|KAPCA_	PRKACA	2	3	-0.26164	2	3	-0.775172
sp|Q8IWE2|NXP20_	FAM114A1	22	5	-0.261866	6	3	0.00713557
sp|P83731|RL24_H	RPL24	9	20	-0.262844	3	6	-0.544238
sp|Q8IXB1|DJC10_	DNAJC10	7	22	-0.263444	3	8	-0.176859
sp|Q15599|NHRF2_	SLC9A3R2	0	18	-0.263653	0	6	-0.274188
sp|O95373|IPO7_H	IPO7	26	30	-0.263829	6	16	-0.0964271
sp|P51149|RAB7A_	RAB7A	12	31	-0.264974	7	13	-0.179388
sp|Q14258|TRI25_	TRIM25	18	35	-0.265032	8	14	-0.456968
sp|Q13561-2|DCTN	DCTN2	13	17	-0.265778	8	8	-0.279165
sp|P26038|MOES_	MSN	50	266	-0.265872	47	236	-0.423109
sp|P52732|KIF11_	KIF11	17	12	-0.265961	6	4	-0.425402
sp|Q9ULF5|S39AA_	SLC39A10	1	24	-0.266053	0	13	0.365168
sp|P05455|LA_HU	SSB	35	12	-0.266251	19	3	-0.0961799
sp|Q14554|PDIA5_	PDIA5	1	12	-0.27109	0	2	-0.262763
sp|O43292|GPAA1_	GPAA1	0	2	-0.271373	0	1	-0.750405
sp|Q658P3-2|STEA	STEAP3	1	10	-0.272422	0	4	0.218986
sp|P12081|SYHC_H	HARS	11	18	-0.272522	6	7	-0.305964
sp|Q08J23|NSUN2_	NSUN2	31	21	-0.274042	16	9	-0.604678
sp|P61201-2|CSN2_	COPS2	14	13	-0.274181	8	3	-0.60648
sp|Q9Y3C1|NOP16_	NOP16	8	5	-0.277371	5	7	-0.280299
sp|Q9UBM7|DHCR	DHCR7	3	7	-0.277441	4	10	-0.56613
sp|Q86UP2|KTN1_	KTN1	92	192	-0.278089	28	83	-0.363271
sp|Q13185|CBX3_	CBX3	9	9	-0.278106	8	5	-0.318721
sp|O75592|MYCB2_	MYCBP2	16	18	-0.278413	3	1	0.318676
sp|P30085|KCY_H	CMPK1	14	25	-0.279687	14	10	-0.483464
sp|P06703|S10A6_	S100A6	12	12	-0.279777	3	11	-0.461841

sp|Q03518|TAP1_	TAP1	2	4	-0.28017	3	3	-1.2235
sp|P19525|E2AK2_	EIF2AK2	9	13	-0.280212	5	3	-0.0745251
sp|Q9UHD8|SEPT9_	9-Sep	29	99	-0.280366	10	46	-0.274346
sp|Q8WXX5|DNJC9	DNAJC9	9	6	-0.281518	11	2	0.300447
sp|P48739-2|PIPN	PITPNB	11	7	-0.281558	6	5	-0.383731
sp|Q9NY35|CLDN1	CLDND1	1	4	-0.28176	0	2	-0.352681
sp|O00592|PODXL_	PODXL	11	52	-0.282456	2	16	0
sp|Q9UH65|SWP7	SWAP70	16	12	-0.283278	6	5	-0.483881
sp|P78536|ADA17_	ADAM17	1	26	-0.283797	0	3	-0.114801
sp|P26599-3|PTBP	PTBP1	27	20	-0.286394	10	5	0.026182
sp|Q9Y2W1|TR150	THRAP3	28	6	-0.286893	6	2	-1.45383
sp|P78368|KC1G2_	CSNK1G2	0	3	-0.287814	0	2	-0.36098
sp|Q92598|HS105_	HSPH1	39	32	-0.289138	12	9	-0.320258
sp|P55060|XPO2_	CSE1L	44	35	-0.289198	16	9	-0.437143
sp|P22626|ROA2_	HNRNPA2B1	27	20	-0.290964	14	10	-0.39408
sp|Q16543|CDC37_	CDC37	16	24	-0.291553	7	9	-0.150152
sp|Q12913|PTPRJ_	PTPRJ	0	57	-0.291919	0	21	-0.307153
sp|P11142|HSP7C_	HSPA8	100	197	-0.292167	71	122	-0.288098
sp|Q99622|C10_H	C12orf57	4	5	-0.292988	2	4	-0.138213
sp|Q92499|DDX1_	DDX1	25	41	-0.293781	9	17	-0.488314
sp|Q96AT9|RPE_H	RPE	6	3	-0.29412	4	3	-0.184428
sp|Q15019-2|SEPT	2-Sep	15	45	-0.29646	11	18	-0.3963
sp|Q15629|TRAM1	TRAM1	4	5	-0.296789	2	4	-0.417956
sp|Q07866-6|KLC1	KLC1	19	16	-0.297045	5	4	-0.327745
sp|Q8NBJ4|GOLM1	GOLM1	7	8	-0.297282	0	2	-0.600396
sp|Q16822|PCKGM	PCK2	2	5	-0.297964	3	1	-0.661786
sp|P83881|RL36A_	RPL36A	1	5	-0.299686	3	1	-0.455914
sp|P39687|AN32A_	ANP32A	7	7	-0.299744	7	3	-0.139942
sp|P11172|UMPS_	UMPS	10	17	-0.302073	2	4	-0.670773
sp|Q13393|PLD1_	PLD1	1	21	-0.302836	0	5	-0.365199
sp|Q00341|VIGLN_	HDLBP	74	75	-0.303984	28	35	-0.355863
sp|Q03519|TAP2_	TAP2	0	7	-0.304153	0	1	-0.673257
sp|Q13308-6|PTK7	PTK7	2	34	-0.304356	0	15	-0.364982
sp|Q9Y520-7|PRC2	PRRC2C	65	53	-0.304583	26	16	0.00656891
sp|Q9NVJ2|ARL8B_	ARL8B	6	20	-0.305148	4	13	-0.173874
sp|P62910|RL32_H	RPL32	10	18	-0.305731	6	4	-0.427996
sp|Q99417|MYCBP	MYCBP	11	16	-0.306262	4	1	-0.279051
sp|Q86YQ8|CPNE8	CPNE8	2	5	-0.30804	0	3	3.87018
sp|P19440|GGT1_	GGT1	0	1	-0.309579	0	1	0.12344
sp|P55145|MANF_	MANF	4	11	-0.310658	4	3	-0.135712
sp|O43447|PPIH_H	PPIH	5	6	-0.311061	8	2	-0.308133
sp|Q9Y6G9|DC1L1_	DYNC1LI1	18	28	-0.311918	10	8	-0.240895
sp|O60888-2|CUTA	CUTA	6	4	-0.314129	7	3	-0.468182
sp|O43865|SAHH2_	AHCYL1	6	13	-0.31484	0	3	-0.188991
sp|O95757|HS74L_	HSPA4L	24	5	-0.315951	3	1	-0.100149

sp|Q8TAF3|WDR48	WDR48	0	7	-0.316067	4	5	-0.0284995
sp|P36543|VATE1_	ATP6V1E1	6	26	-0.316631	1	4	-0.039437
sp|Q13509|TBB3_H	TUBB3	25	37	-0.318157	18	25	-0.361424
sp|O15427|MOT4_	SLC16A3	17	54	-0.318205	7	16	-0.356038
sp|P40261|NNMT_	NNMT	10	14	-0.319297	5	3	-0.00695501
sp|P51991|ROA3_H	HNRNPA3	19	13	-0.320513	17	2	-0.141546
sp|Q9UI14|PRAF1_	RABAC1	1	4	-0.320698	0	2	0.119636
sp|P98172|EFNB1_	EFNB1	0	9	-0.320949	1	4	-0.298332
sp|P07437|TBB5_H	TUBB	17	24	-0.321274	17	20	-0.383244
sp|P40429|RL13A_	RPL13A	11	25	-0.321949	4	11	-0.373993
sp|O00186|STXB3_	STXBP3	2	41	-0.321977	1	16	-0.449702
sp|Q86V48|LUZP1_	LUZP1	23	24	-0.322382	6	15	-0.354311
sp|Q5JRA6|MIA3_H	MIA3	46	102	-0.323635	8	35	-0.112125
sp|P61204|ARF3_H	ARF3	19	34	-0.323797	16	13	-0.329295
sp|Q14573|ITPR3_I	ITPR3	38	61	-0.324961	12	4	-0.237894
sp|O95394-4|AGM	PGM3	8	3	-0.325071	3	1	0.332785
sp|Q92542|NICA_H	NCSTN	1	9	-0.325295	1	3	0
sp|P63241-2|IF5A1	EIF5A	16	11	-0.32591	12	11	-0.230053
sp|P62906|RL10A_	RPL10A	17	42	-0.32598	12	20	-0.426524
sp|P39023|RL3_HU	RPL3	45	104	-0.326443	22	56	-0.256323
sp|Q9Y6G5|COMD	COMMD10	2	6	-0.326777	2	1	-2.69383
sp|P27348|1433T_I	YWHAQ	9	18	-0.327043	10	13	-0.396263
sp|Q9Y5S9|RBM8A	RBM8A	2	6	-0.327869	3	1	-0.12105
sp|Q13443|ADAM9	ADAM9	2	14	-0.328126	0	2	0
sp|A0AVT1|UBA6_I	UBA6	25	10	-0.328801	11	1	0.0804885
sp|P53999|TCP4_H	SUB1	31	23	-0.329438	11	5	-0.12492
sp|Q15459|SF3A1_	SF3A1	38	9	-0.329862	9	5	-0.215879
sp|Q8N257|H2B3B_	HIST3H2BB	6	3	-0.333042	2	1	-0.378696
sp|P06748|NPM_H	NPM1	33	42	-0.333613	33	20	-0.138261
sp|Q96LJ7|DHRS1_	DHRS1	2	2	-0.333911	0	1	0.0505297
sp|Q14974|IMB1_H	KPNB1	36	58	-0.335028	11	24	-0.243773
sp|P26373|RL13_H	RPL13	10	23	-0.33576	5	5	-0.403648
sp|Q93008|USP9X_	USP9X	38	11	-0.335858	13	4	-1.40864
sp|O75935|DCTN3_	DCTN3	1	5	-0.336274	1	2	-0.0678299
sp|Q6P1N0|C2D1A_	CC2D1A	6	10	-0.336496	2	3	-0.0893193
sp|P31949|S10AB_	S100A11	10	21	-0.33654	13	10	-0.167143
sp|O43390-2|HNRP	HNRNPR	31	7	-0.336562	20	2	0.898429
sp|Q969T4|UB2E3_	UBE2E3	1	2	-0.337219	4	1	-0.396355
sp|O14531|DPYL4_	DPYSL4	0	2	-0.337718	0	1	-0.901285
sp|Q969X5|ERGI1_	ERGIC1	8	23	-0.338814	3	5	-0.288554
sp|Q15645|PCH2_H	TRIP13	10	12	-0.339252	5	4	-0.270414
sp|P46779-3|RL28_	RPL28	12	21	-0.339761	7	6	-0.527095
sp|O43684|BUB3_H	BUB3	3	3	-0.341388	0	1	-0.294036
sp|Q12906-7|ILF3_	ILF3	78	39	-0.342247	30	13	-0.716269
sp|Q9Y3A6|TMED5	TMED5	2	9	-0.342271	0	1	0.26979

sp|O60610|DIAP1_	DIAPH1	39	41	-0.342682	4	3	-0.302597
sp|Q6UXH1-5|CREL	CRELD2	1	7	-0.343098	0	2	-0.263551
sp|Q9NX58|LYAR_	LYAR	6	5	-0.344056	5	2	0.373126
sp|Q99615|DNJC7_	DNAJC7	14	12	-0.345083	7	6	-0.339688
sp|Q12846|STX4_H	STX4	3	18	-0.345719	0	9	-0.118618
sp|O95573|ACSL3_	ACSL3	19	106	-0.346314	12	56	-0.324851
sp|P38159|RBMX_	RBMX	19	11	-0.34673	10	4	-0.332732
sp|P49841-2|GSK3	GSK3B	2	5	-0.347195	1	2	-0.220423
sp|Q9UG63|ABCF2	ABCF2	18	34	-0.347363	2	7	-0.335
sp|Q15738|NSDHL	NSDHL	6	17	-0.348168	0	6	-0.636973
sp|P63027|VAMP2	VAMP2	2	5	-0.348387	3	3	-0.0583815
sp|P53675|CLH2_H	CLTCL1	1	2	-0.348433	0	1	-0.858612
sp|P49006|MRP_H	MARCKSL1	6	17	-0.34919	1	18	0
sp|P31689|DNJA1_	DNAJA1	13	23	-0.349794	8	13	-0.289928
sp|P15529-2|MCP_	CD46	1	15	-0.350788	0	3	-0.0413046
sp|P25445|TNR6_	FAS	0	15	-0.350842	0	12	-0.192512
sp|Q12765-2|SCRN	SCRN1	8	8	-0.352036	5	4	-0.109574
sp|Q9BPX3|CND3_	NCAPG	23	17	-0.352654	2	1	-0.066138
sp|Q05209|PTN12_	PTPN12	8	2	-0.354847	1	1	0
sp|O43765|SGTA_	SGTA	4	4	-0.354968	1	1	0.1848
sp|Q9H1E3|NUCKS	NUCKS1	7	4	-0.355179	6	6	-0.155053
sp|Q8IZ21-2|PHAR	PHACTR4	3	13	-0.355485	2	2	-1.00591
sp|Q9Y450|HBS1L_	HBS1L	14	16	-0.356017	6	6	-0.579893
sp|Q9Y237-2|PIN4_	PIN4	6	8	-0.356209	4	4	-0.180974
sp|P31153|METK2_	MAT2A	6	4	-0.35668	4	1	0.0156562
sp|Q8NBI5|S43A3_	SLC43A3	0	11	-0.356707	0	2	-0.384609
sp|Q12893|TM115	TMEM115	3	10	-0.358472	0	7	-0.195406
sp|P21589|5NTD_	NT5E	0	34	-0.359488	0	13	-0.47861
sp|P50995|ANX11_	ANXA11	6	7	-0.361977	2	1	0.145223
sp|Q92616|GCN1L	GCN1L1	91	120	-0.364646	42	40	-0.147721
sp|Q9Y676|RT18B_	MRPS18B	5	8	-0.365522	7	4	0
sp|Q14254|FLOT2_	FLOT2	12	60	-0.367018	3	45	-0.447699
sp|Q9H0R3|TM222	TMEM222	0	4	-0.368169	0	1	-0.675538
sp|Q9H082|RB33B	RAB33B	0	14	-0.369752	0	3	-0.282723
sp|Q5H9R7-5|PP6R	PPP6R3	20	9	-0.370841	5	3	-0.686614
sp|P55011|S12A2_	SLC12A2	6	69	-0.370902	0	24	-0.341822
sp|Q06830|PRDX1_	PRDX1	56	143	-0.371531	35	66	-0.587699
sp|Q93096|TP4A1_	PTP4A1	2	12	-0.371645	1	3	-0.248851
sp|Q9Y5Y0|FLVC1_	FLVCR1	0	12	-0.371927	0	4	-0.380625
sp|O94874|UFL1_	UFL1	14	26	-0.37201	3	7	-0.575312
sp|O00151|PDLI1_	PDLIM1	9	16	-0.372182	2	4	0.184001
sp|Q14978-2|NOLC	NOLC1	13	5	-0.373178	3	3	-0.346465
sp|P07948|LYN_H	LYN	0	11	-0.373885	0	3	-1.26976
sp|P09382|LEG1_H	LGALS1	57	42	-0.374484	32	26	-0.464128
sp|P61353|RL27_H	RPL27	7	14	-0.376436	3	8	-0.502789

sp|Q14738|2A5D_	PPP2R5D	13	7	-0.37915	1	1	0.0649778
sp|P20700|LMNB1	LMNB1	41	7	-0.380027	21	1	0.091612
sp|P51648-2|AL3A	ALDH3A2	11	32	-0.380635	8	14	-0.194568
sp|Q53SF7|COBL1_	COBLL1	2	13	-0.38116	0	6	-0.377237
sp|Q9BUB7|TMM7	TMEM70	6	7	-0.381314	1	3	-0.381033
sp|Q99584|S10AD_	S100A13	6	12	-0.381742	4	5	-0.849292
sp|Q8IUD2|RB6I2_	ERC1	20	15	-0.382656	2	5	-0.558512
sp|Q9BV40|VAMP	VAMP8	2	4	-0.382931	1	1	-0.749785
sp|P05388|RLA0_H	RPLP0	28	57	-0.383279	25	43	-0.260587
sp|Q07617|SPAG1_	SPAG1	1	7	-0.383745	0	2	-0.610101
sp|Q12905|ILF2_H	ILF2	28	19	-0.384921	9	4	-0.781229
sp|P23921|RIR1_H	RRM1	36	48	-0.385376	7	15	-0.24379
sp|Q969V3|NCLN_	NCLN	2	4	-0.385994	3	1	-0.552448
sp|P53396|ACLY_H	ACLY	96	137	-0.38651	29	75	-0.317771
sp|Q12904-2|AIMP	AIMP1	3	10	-0.387362	2	4	0.283349
sp|Q8WUR7|CO04	C15orf40	4	8	-0.387506	2	1	-0.616585
sp|Q9NYL9|TMOD	TMOD3	21	34	-0.389438	18	24	-0.37133
sp|P46776|RL27A_	RPL27A	6	6	-0.391707	2	4	-0.582716
sp|O60503|ADCY9	ADCY9	0	13	-0.393321	0	3	-0.457062
sp|P42345|MTOR_	MTOR	10	16	-0.393588	1	4	-0.613936
sp|Q8N5K1|CISD2_	CISD2	4	8	-0.394364	3	3	-0.44934
sp|Q07020|RL18_H	RPL18	8	16	-0.394482	4	5	-0.538801
sp|Q9BUP3-3|HTAI	HTATIP2	5	23	-0.394687	1	3	-0.646889
sp|P48067-2|SC6A	SLC6A9	0	6	-0.395494	0	3	-0.402408
sp|Q9H3N1|TMX1_	TMX1	4	14	-0.396271	5	5	-0.444586
sp|O75477|ERLN1_	ERLIN1	6	16	-0.39643	4	6	-0.234759
sp|Q9H0V9-2|LMA	LMAN2L	3	8	-0.398075	3	4	-0.594492
sp|P50914|RL14_H	RPL14	5	9	-0.399249	3	2	-0.514517
sp|P54709|AT1B3_	ATP1B3	13	39	-0.399376	10	33	-0.41892
sp|Q9Y3L5|RAP2C_	RAP2C	0	9	-0.400839	0	4	-0.446419
sp|P43007|SATT_H	SLC1A4	2	19	-0.402173	5	11	-0.196465
sp|P04083|ANXA1_	ANXA1	25	68	-0.403114	20	29	-0.277118
sp|O00767|ACOD_	SCD	18	29	-0.403252	3	15	-0.193761
sp|Q8N6L1-2|KTAP	KRTCAP2	2	4	-0.404999	1	2	-0.530777
sp|Q12841|FSTL1_	FSTL1	0	4	-0.405513	0	1	-0.354059
sp|P50897|PPT1_H	PPT1	3	21	-0.406807	4	14	0.636905
sp|Q13425|SNTB2_	SNTB2	0	13	-0.406857	0	7	-0.32504
sp|Q96HE7|ERO1A	ERO1L	9	19	-0.407102	2	9	-0.523686
sp|Q16658|FSCN1_	FSCN1	15	24	-0.407348	11	21	-0.477811
sp|Q9C0D9|EPT1_	EPT1	0	5	-0.408292	0	1	-0.588089
sp|Q05639|EF1A2_	EEF1A2	93	142	-0.410308	49	86	-0.43921
sp|Q5ZPR3|CD276_	CD276	5	15	-0.410912	0	11	-0.482
sp|Q8IWU2|LMTK2	LMTK2	2	6	-0.411133	0	2	-0.0403281
sp|Q9GZM5|YIPF3_	YIPF3	0	7	-0.412059	0	3	-0.430336
sp|Q9H6X2|ANTR1	ANTXR1	2	25	-0.412243	0	12	-0.638529

sp|Q9NRV9|HEBP1_	HEBP1	10	9	-0.413948	4	5	-1.13602
sp|Q15021|CND1_I	NCAPD2	24	18	-0.41411	3	7	-0.694612
sp|Q15785|TOM34	TOMM34	9	9	-0.415021	1	3	-0.458952
sp|Q9Y295|DRG1_I	DRG1	7	14	-0.418645	11	9	-0.776027
sp|Q8N5M4|TTC9C	TTC9C	2	4	-0.4202	0	2	-0.0791187
sp|P61221|ABCE1_	ABCE1	18	27	-0.420433	15	16	-0.0167552
sp|Q9UM54|MYO6	MYO6	6	27	-0.420448	0	5	-0.466741
sp|Q6NUK4|REEP3_	REEP3	2	8	-0.420552	0	6	-0.593912
sp|P18621-3|RL17_	RPL17	13	27	-0.421236	6	8	-0.367112
sp|Q13438|OS9_HI	OS9	2	17	-0.422896	2	6	-0.653379
sp|Q8IYI6|EXOC8_H	EXOC8	0	2	-0.423259	0	4	-1.11281
sp|P40818|UBP8_H	USP8	10	21	-0.423364	4	2	-0.30673
sp|Q16850|CP51A_	CYP51A1	3	17	-0.424869	4	13	-0.230371
sp|Q96CW5|GCP3_	TUBGCP3	5	5	-0.424944	1	1	-0.532325
sp|P10316|1A69_H	HLA-A	4	12	-0.425817	6	13	-0.345473
sp|P42224|STAT1_I	STAT1	31	29	-0.426944	10	7	-0.218783
sp|O14936|CSKP_H	CASK	5	44	-0.427321	0	15	-0.532106
sp|O94887|FARP2_	FARP2	0	6	-0.427943	1	6	-0.576575
sp|P13473|LAMP2_	LAMP2	4	18	-0.427945	0	9	-0.200526
sp|Q7Z4R8|CF120_	C6orf120	3	6	-0.42825	4	3	-0.193812
sp|Q00839|HNRPU	HNRNPU	56	50	-0.428788	25	32	-0.323938
sp|Q96TA1|NIBL1_	FAM129B	34	71	-0.430849	9	27	-0.280903
sp|P62891|RL39_H	RPL39	1	5	-0.431316	0	2	-0.465189
sp|Q9NTJ3|SMC4_I	SMC4	56	53	-0.431687	14	7	-0.595754
sp|P55795|HNRH2_	HNRNPH2	6	2	-0.432757	2	1	-0.126962
sp|P80723|BASP1_	BASP1	52	199	-0.435067	45	138	-0.53923
sp|Q14008|CKAP5_	CKAP5	65	69	-0.435068	14	11	-0.587914
sp|Q9HCN8|SDF2L_	SDF2L1	4	9	-0.435117	3	6	-0.302756
sp|Q9BVK2|ALG8_I	ALG8	1	3	-0.435589	0	1	-0.982599
sp|Q9NVA2-2|SEP1	11-Sep	12	34	-0.43696	7	32	-0.608076
sp|P27635|RL10_H	RPL10	9	28	-0.436982	9	13	-0.474597
sp|Q9NUL7|DDX28	DDX28	0	2	-0.437051	0	1	-1.06853
sp|Q06124|PTN11_	PTPN11	2	16	-0.437092	3	7	-0.113177
sp|P62424|RL7A_H	RPL7A	15	27	-0.437712	5	3	-0.503008
sp|P86791|CCZ1_H	CCZ1	0	9	-0.437745	0	4	-0.339176
sp|Q12907|LMAN2	LMAN2	12	18	-0.437849	6	7	-0.301511
sp|Q7Z2W4|ZCCHV	ZC3HAV1	17	16	-0.438602	4	14	-0.322349
sp|Q6NYC8|PPR18_	PPP1R18	5	16	-0.43888	1	12	-0.559224
sp|Q9BXI6|TB10A_	TBC1D10A	0	6	-0.439125	0	4	-0.84078
sp|P36578|RL4_HU	RPL4	28	72	-0.44072	13	25	-0.350695
sp|P62330|ARF6_H	ARF6	8	25	-0.441642	3	9	-0.326444
sp|Q02878|RL6_HU	RPL6	35	53	-0.441687	14	13	-0.439346
sp|Q96K49|TM87B_	TMEM87B	0	2	-0.44382	0	3	0.515906
sp|Q08380|LG3BP_	LGALS3BP	2	21	-0.44444	0	6	-0.195755
sp|P33527-9|MRP1	ABCC1	10	157	-0.445058	5	45	-0.463646

sp|Q9UJU6-3|DBN	DBNL	7	6	-0.446177	0	1	-0.0944243
sp|P10644|KAP0_H	PRKAR1A	9	18	-0.446401	2	2	0.488271
sp|P25205|MCM3_	MCM3	30	11	-0.44664	8	7	-0.790595
sp|O15357|SHIP2_	INPPL1	20	12	-0.447758	2	2	0.45592
sp|Q8N766|EMC1_	EMC1	22	40	-0.450403	5	29	-0.364848
sp|P47914|RL29_H	RPL29	9	21	-0.450452	4	8	-0.505355
sp|Q96QD8|S38A2_	SLC38A2	5	41	-0.451937	7	52	-0.32252
sp|Q13885|TBB2A_	TUBB2A	26	29	-0.452939	24	32	-0.251161
sp|P62993|GRB2_	GRB2	4	5	-0.453138	2	3	-0.213357
sp|P49257|LMAN1_	LMAN1	17	52	-0.45346	10	39	-0.377465
sp|Q6NSJ5|LRC8E_	LRRC8E	0	1	-0.455355	0	1	-0.424094
sp|O43707|ACTN4_	ACTN4	97	218	-0.456047	45	103	-0.455705
sp|Q08357|S20A2_	SLC20A2	0	6	-0.456551	0	2	-0.236374
sp|O60779|S19A2_	SLC19A2	0	7	-0.45671	0	3	-0.119748
sp|O00505|IMA4_	KPNA3	12	10	-0.456946	8	3	-0.232548
sp|P12268|IMDH2_	IMPDH2	27	60	-0.460259	22	15	-0.340466
sp|P63208|SKP1_H	SKP1	12	10	-0.460352	10	6	-0.113474
sp|P53985|MOT1_	SLC16A1	5	29	-0.460539	4	5	-0.308283
sp|Q7KZI7|MARK2_	MARK2	0	8	-0.461118	0	1	-0.727704
sp|P61313|RL15_H	RPL15	12	14	-0.46188	4	4	-0.00506668
sp|P14866|HNRPL_	HNRNPL	26	12	-0.461907	13	2	-0.236543
sp|P68371|TBB4B_	TUBB4B	13	13	-0.462771	9	5	-0.407131
sp|Q12802-2|AKP1	AKAP13	27	24	-0.462986	10	7	-0.328825
sp|Q16181|SEPT7_	7-Sep	25	57	-0.46303	14	39	-0.41092
sp|P30050|RL12_H	RPL12	6	13	-0.464275	4	7	-0.44901
sp|P42330|AK1C3_	AKR1C3	23	37	-0.465351	13	9	-0.669688
sp|P12956|XRCC6_	XRCC6	58	69	-0.465682	53	30	-0.0774481
sp|Q92882|OSTF1_	OSTF1	5	10	-0.46569	4	3	-0.431776
sp|P51571|SSRD_H	SSR4	7	13	-0.465722	8	7	-0.833499
sp|Q5JPE7|NOMO	NOMO2	29	55	-0.467176	14	38	-0.320174
sp|O94804|STK10_	STK10	2	6	-0.468583	0	1	1.94953
sp|P62136|PP1A_H	PPP1CA	3	8	-0.469116	0	1	-0.612029
sp|Q9Y3A5|SBDS_	SBDS	11	18	-0.469242	5	3	-0.762005
sp|Q93052|LPP_H	LPP	19	32	-0.471158	11	22	-0.489938
sp|Q13526|PIN1_H	PIN1	6	3	-0.471378	2	2	-0.857501
sp|P34741|SDC2_H	SDC2	5	12	-0.471596	0	5	-0.285732
sp|Q13636|RAB31_	RAB31	5	16	-0.471643	1	8	-0.566212
sp|Q92688|AN32B_	ANP32B	13	18	-0.472151	4	2	-0.512452
sp|Q04917|1433F_	YWHAH	6	14	-0.473539	7	4	0.0121662
sp|P61225|RAP2B_	RAP2B	3	20	-0.473667	1	4	-0.520558
sp|Q4KMQ2-2|AN	ANO6	3	34	-0.473855	0	14	-0.409482
sp|P32969|RL9_H	RPL9	13	22	-0.474626	7	9	-0.471144
sp|Q14103|HNRPD	HNRNPD	13	8	-0.474651	9	8	-0.654361
sp|Q14126|DSG2_	DSG2	2	46	-0.475873	2	13	-0.39018
sp|Q8IY95|TM192_	TMEM192	1	6	-0.476483	0	2	0.299605

sp|Q92841|DDX17_	DDX17	24	17	-0.476588	10	3	-0.301539
sp|P61981|1433G_	YWHAG	21	37	-0.47673	7	11	-0.251031
sp|Q9NYL4|FKB11_	FKBP11	1	4	-0.477261	0	2	-0.267684
sp|P29558|RBMS1_	RBMS1	2	1	-0.477355	1	1	-0.419752
sp|Q92878-2|RAD5	RAD50	27	29	-0.477637	3	2	-0.216361
sp|Q9UPQ0|LIMC1_	LIMCH1	32	53	-0.477775	9	20	-0.486843
sp|Q9UKS6|PACN3_	PACSIN3	1	15	-0.477854	0	2	-0.657118
sp|Q8NBJ9-2|SIDT	SIDT2	0	4	-0.478497	0	2	0.530788
sp|Q8WV92|MITD	MITD1	0	3	-0.479101	0	2	-0.438875
sp|P35606|COPB2_	COPB2	38	16	-0.479213	10	4	-0.615072
sp|P30040|ERP29_	ERP29	16	46	-0.479946	10	23	-0.53798
sp|P53992|SC24C_	SEC24C	13	13	-0.481558	2	4	-0.443187
sp|Q9UIW2|PLXA1_	PLXNA1	0	10	-0.482967	0	1	-0.470326
sp|Q9UGP8|SEC63_	SEC63	20	72	-0.485107	5	25	-0.324225
sp|Q08211|DHX9_	DHX9	31	20	-0.485662	15	9	-0.45264
sp|O00410-3|IPO5_	IPO5	51	61	-0.487642	15	21	-0.577573
sp|Q9NZ01|TECR_	TECR	2	21	-0.489076	3	5	-0.605145
sp|P32322|P5CR1_	PYCR1	13	17	-0.48942	4	2	-0.784737
sp|Q96R06|SPAG5_	SPAG5	2	2	-0.48969	1	2	-0.763417
sp|O14763|TR10B_	TNFRSF10B	0	10	-0.493521	0	1	-0.669507
sp|P61960|UFM1_	UFM1	8	10	-0.493645	3	4	-0.214253
sp|O95297|MPZL1_	MPZL1	2	18	-0.494175	1	10	-0.305443
sp|P43307|SSRA_H	SSR1	10	28	-0.494224	7	17	-0.412798
sp|A0FGR8-6|ESYT	ESYT2	13	44	-0.49497	2	12	-0.423307
sp|O15258|RER1_	RER1	2	8	-0.495143	0	4	-0.448105
sp|Q9Y2D5-4|AKA	AKAP2	28	75	-0.49653	16	35	-0.382274
sp|O75955|FLOT1_	FLOT1	5	62	-0.498483	7	36	-0.523595
sp|Q9UGI8|TES_H	TES	9	18	-0.499337	4	3	-0.673388
sp|Q10589|BST2_	BST2	4	20	-0.503613	4	10	-0.528237
sp|Q8NF37|PCAT1_	LPCAT1	4	9	-0.503833	2	1	-0.183151
sp|Q96HJ9-2|CG05	C7orf55	13	13	-0.503931	14	4	-1.06906
sp|O95347|SMC2_	SMC2	38	43	-0.50479	13	11	-0.709409
sp|Q15149-4|PLEC_	PLEC	2	4	-0.506117	1	1	-1.28662
sp|P54920|SNAA_	NAPA	17	15	-0.506583	3	8	-0.90432
sp|P68104|EF1A1_	EEF1A1	84	144	-0.508317	68	88	-0.437991
sp|Q53GQ0|DHB12	HSD17B12	5	16	-0.508788	1	7	-0.689625
sp|P46060|RAGP1_	RANGAP1	20	17	-0.509616	6	3	-0.218941
sp|Q9HBR0|S38AA_	SLC38A10	0	2	-0.509663	0	1	-0.394449
sp|O00203|AP3B1_	AP3B1	24	17	-0.50979	3	2	-0.422375
sp|Q6P4E1-4|CASC	CASC4	1	17	-0.511273	0	4	-0.510008
sp|Q92581-2|SL9A	SLC9A6	0	3	-0.512239	0	1	-0.467244
sp|Q9P0V9-2|SEP1	10-Sep	11	34	-0.512643	1	17	-0.330624
sp|P62917|RL8_HU	RPL8	12	29	-0.513161	6	13	-0.483327
sp|Q9Y624|JAM1_	F11R	0	9	-0.513689	0	1	-1.80044
sp|P50607-2|TUB_	TUB	1	9	-0.514295	0	5	-0.833074

sp|P46109|CRKL_H	CRKL	4	5	-0.515019	2	2	-0.557513
sp|Q3SXY8|AR13B_	ARL13B	0	12	-0.515528	0	1	-0.610605
sp|Q9H2H9|S38A1_	SLC38A1	1	22	-0.517629	0	12	-0.596827
sp|P58107|EPIPL_H	EPPK1	56	41	-0.517822	35	14	-0.533405
sp|Q92796-2|DLG3	DLG3	0	13	-0.518383	0	5	-0.604449
sp|O43657|TSN6_H	TSPAN6	1	5	-0.518476	0	2	-0.286354
sp|Q96HC4|PDLI5_	PDLIM5	22	26	-0.51861	12	9	-0.449045
sp|P09429|HMGB1	HMGB1	21	16	-0.518677	18	10	-0.817686
sp|Q3SY69|AL1L2_	ALDH1L2	7	6	-0.519304	1	2	-1.29011
sp|Q8IXS6-2|PALM	PALM2	6	30	-0.519401	3	11	-0.728452
sp|Q8N5M9|JAGN1	JAGN1	2	4	-0.519811	3	3	-0.395221
sp|Q14432|PDE3A_	PDE3A	13	15	-0.5201	3	11	-0.468293
sp|O00499|BIN1_H	BIN1	7	16	-0.520132	7	5	-0.71385
sp|Q01844-5|EWS_	EWSR1	13	15	-0.520405	12	9	-0.526838
sp|Q6P1A2|MBOA5	LPCAT3	2	5	-0.521189	0	1	-0.784364
sp|P42356|PI4KA_H	PI4KA	8	43	-0.521293	0	5	-0.246851
sp|Q9Y5M8|SRPRB	SRPRB	5	18	-0.521956	2	8	-0.484275
sp|O00139-4|KIF2A	KIF2A	7	3	-0.522138	0	1	-0.579584
sp|Q9BTX1|NDC1_	NDC1	3	5	-0.522308	3	3	-0.37319
sp|Q9H4A6|GOLP3	GOLPH3	3	5	-0.522485	3	2	-0.569386
sp|Q15691|MARE1	MAPRE1	12	18	-0.523055	9	6	-0.537992
sp|Q9NPA0|EMC7_	EMC7	7	17	-0.523158	2	2	-0.611511
sp|Q99729-2|ROAA	HNRNPAB	13	6	-0.52546	7	7	0.0179133
sp|P08240|SRPR_H	SRPR	8	31	-0.528925	4	7	-0.38784
sp|P18433|PTPRA_	PTPRA	0	12	-0.529129	0	7	-0.888459
sp|Q14331|FRG1_H	FRG1	4	4	-0.52997	3	1	2.44537
sp|P37108|SRP14_	SRP14	9	13	-0.530057	3	3	-1.00722
sp|Q9NVA1|UQCC1	UQCC1	1	3	-0.530171	0	1	-1.13578
sp|P40763|STAT3_	STAT3	16	12	-0.530694	4	6	-0.498645
sp|P12814-3|ACTN	ACTN1	63	138	-0.530981	40	95	-0.441027
sp|Q15293|RCN1_H	RCN1	22	72	-0.531439	14	53	-0.725716
sp|Q15149|PLEC_H	PLEC	197	260	-0.531455	92	72	-0.692066
sp|P18206|VINC_H	VCL	103	147	-0.532857	52	61	-0.445785
sp|P28482|MK01_H	MAPK1	8	7	-0.533045	5	5	-1.1785
sp|P68036-3|UB2L3	UBE2L3	12	8	-0.533229	7	1	0.159447
sp|P54707-2|AT12A	ATP12A	4	17	-0.534691	1	5	-0.445957
sp|Q8N556-2|AFAP	AFAP1	6	3	-0.537253	1	2	-0.290268
sp|O60245-3|PCDH	PCDH7	0	11	-0.537388	0	6	-1.34549
sp|P57729|RAB38_	RAB38	1	5	-0.537774	0	2	-0.259552
sp|P07947|YES_HU	YES1	2	18	-0.537821	0	5	-0.526109
sp|Q07157|ZO1_HU	TJP1	44	84	-0.538044	22	22	-0.385891
sp|Q32MZ4|LRRF1_	LRRFIP1	33	43	-0.538084	16	9	-0.577435
sp|O95721|SNP29_	SNAP29	5	16	-0.538648	3	4	-0.708801
sp|P37235|HPCL1_	HPCAL1	10	12	-0.540027	5	3	-0.322071
sp|Q8WUD1|RAB2I	RAB2B	1	8	-0.54137	0	2	0.159619

sp|P28838|AMPL_H	LAP3	13	31	-0.542339	11	12	-0.5772
sp|P11717|MPRI_H	IGF2R	27	67	-0.542648	12	24	-0.621364
sp|P07951|TPM2_H	TPM2	20	34	-0.543012	9	11	-0.820007
sp|Q13045|FLII_HU	FLII	29	22	-0.543043	9	13	-0.410502
sp|Q9BZQ8|NIBAN_	FAM129A	21	37	-0.543336	2	17	-0.559668
sp|Q13724|MOGS_	MOGS	7	12	-0.543709	1	3	-0.783538
sp|Q9BXB5|OSB10_	OSBPL10	2	9	-0.544179	0	4	-0.347553
sp|P26885|FKBP2_	FKBP2	10	14	-0.544512	5	6	-0.318182
sp|Q01650|LAT1_H	SLC7A5	14	53	-0.544628	8	26	-0.669921
sp|Q15029|U5S1_H	EFTUD2	36	27	-0.544947	12	4	-0.618458
sp|P02461|CO3A1_	COL3A1	1	18	-0.545404	0	6	-0.236902
sp|Q29RF7|PDS5A_	PDS5A	33	10	-0.545428	2	1	-0.241475
sp|Q92614|MY18A_	MYO18A	12	43	-0.547229	5	16	-0.705718
sp|Q14160-3|SCRIB	SCRIB	9	32	-0.548872	2	19	-0.612097
sp|P35613|BASI_HU	BSG	9	51	-0.549206	6	32	-0.426677
sp|Q8NHG8|ZNRF2	ZNRF2	0	1	-0.549589	0	1	-0.798435
sp|Q02487|DSC2_H	DSC2	0	5	-0.550908	0	3	-0.497632
sp|O14979|HNRDL_	HNRNPDL	13	6	-0.552109	11	5	-0.0844583
sp|Q14697-2|GANA	GANAB	45	141	-0.552926	15	56	-0.716348
sp|P17301|ITA2_HU	ITGA2	8	76	-0.552958	0	35	-0.35816
sp|O00194|RB27B_	RAB27B	0	10	-0.553516	0	3	-0.519433
sp|O43402|EMC8_	EMC8	0	2	-0.554457	0	7	-0.211587
sp|Q92974|ARHG2_	ARHGEF2	5	7	-0.555129	2	1	-1.48338
sp|Q96HY6|DDRGK	DDRGK1	1	3	-0.555687	0	1	-0.371289
sp|Q14114|LRP8_H	LRP8	0	8	-0.556281	0	2	-1.03476
sp|Q02952|AKA12_	AKAP12	51	80	-0.557062	24	46	-0.605071
sp|P30533|AMRP_	LRPAP1	9	24	-0.55715	5	7	-0.436163
sp|Q15334|L2GL1_	LLGL1	2	8	-0.557464	0	4	-0.587618
sp|Q9UL54|TAOK2_	TAOK2	3	9	-0.557882	0	2	-1.09327
sp|P15586|GNS_HU	GNS	6	47	-0.557921	3	11	-0.27031
sp|P55209|NP1L1_	NAP1L1	15	23	-0.559008	14	7	-0.437732
sp|Q6NUM9|RETST	RETSAT	1	5	-0.55937	0	1	-0.0915086
sp|Q06136|KDSR_H	KDSR	0	2	-0.561465	0	1	-0.42446
sp|Q8TC12|RDH11_	RDH11	0	10	-0.562045	0	2	-0.929863
sp|P41567|EIF1_HU	EIF1	2	4	-0.562249	2	2	-0.646711
sp|P16070|CD44_H	CD44	33	104	-0.562465	4	40	-0.50833
sp|Q9UBV2|SE1L1_	SEL1L	2	10	-0.563749	0	6	-0.0729147
sp|Q92692|PVRL2_	PVRL2	0	12	-0.564066	0	4	-0.00190707
sp|P60953|CDC42_	CDC42	6	21	-0.564154	4	8	-0.652002
sp|Q969H8|CS010_	C19orf10	15	22	-0.564369	12	18	-0.682733
sp|Q8NHP8|PLBL2_	PLBD2	2	10	-0.566072	0	9	0.285582
sp|Q9NS87|KIF15_	KIF15	13	9	-0.566634	1	1	-0.274052
sp|P05023|AT1A1_	ATP1A1	29	158	-0.567435	9	104	-0.564708
sp|P62888|RL30_H	RPL30	8	9	-0.56762	6	3	-0.626554
sp|P09543|CN37_H	CNP	15	57	-0.56806	5	38	-0.649158

sp|P47756-2|CAPZI	CAPZB	16	31	-0.568186	7	8	-0.572876
sp|Q5SW79|CE170_	CEP170	22	3	-0.569106	4	1	-0.0209743
sp|Q15833|STXB2_	STXBP2	1	14	-0.569239	0	5	-0.925866
sp|O75369-8|FLNB_	FLNB	237	376	-0.569518	125	201	-0.602168
sp|P09601|HMOX1	HMOX1	1	3	-0.569813	0	2	-0.259451
sp|O43396|TXNL1_	TXNL1	10	5	-0.570684	9	2	-1.06782
sp|Q70E73|RAPH1_	RAPH1	10	35	-0.571669	3	7	-0.470843
sp|P08133|ANXA6_	ANXA6	37	58	-0.571791	11	24	-0.770098
sp|Q01459|DIAC_H	CTBS	0	1	-0.572968	0	2	0.562535
sp|Q4KMP7|TB10B	TBC1D10B	2	35	-0.574687	0	9	-0.676238
sp|Q9NYP7-2|ELOV	ELOVL5	4	9	-0.574961	1	4	-0.739848
sp|Q9H488|OFUT1_	POFUT1	3	13	-0.575336	0	6	-0.916203
sp|P53618|COPB_H	COPB1	33	24	-0.575351	13	3	-0.516117
sp|Q13555-6|KCC2	CAMK2G	3	5	-0.575964	1	5	-0.111943
tr|F8WA26|F8WA2	PALLD	1	4	-0.576456	1	2	-0.663964
sp|Q9NQC3-2|RTN	RTN4	8	24	-0.576871	7	12	-0.444173
sp|Q10567|AP1B1_	AP1B1	10	6	-0.577834	4	2	-0.695767
sp|Q6ZRP7|QSOX2_	QSOX2	6	27	-0.577856	1	3	-0.340416
sp|Q7L7X3|TAOK1_	TAOK1	1	16	-0.581206	1	7	-0.598576
sp|Q9Y2A7-2|NCKP	NCKAP1	16	34	-0.581885	1	11	-0.480852
sp|P54852|EMP3_H	EMP3	3	12	-0.583217	0	4	-0.60301
sp|Q99627|CSN8_H	COPS8	2	2	-0.583515	2	1	-0.246567
sp|P14618-2|KPYM	PKM	123	181	-0.585063	87	131	-0.507962
sp|P23919|KTHY_H	DTYMK	9	14	-0.587456	5	4	-0.583484
sp|O95816|BAG2_H	BAG2	8	12	-0.587992	2	5	-0.463338
sp|Q9NXW2-2|DJB	DNAJB12	1	9	-0.588214	0	4	-0.393322
sp|P07602|SAP_HU	PSAP	7	47	-0.589939	3	16	0.753921
sp|Q92544|TM9S4_	TM9SF4	2	16	-0.590147	1	10	-0.390976
sp|Q96FQ6|S10AG_	S100A16	6	6	-0.590315	2	2	-0.850327
sp|Q9UN86|G3BP2	G3BP2	10	16	-0.590329	4	1	-0.69625
sp|Q9UPY8|MARE3	MAPRE3	5	4	-0.590888	5	2	-0.65917
sp|P01111|RASN_H	NRAS	8	30	-0.591116	3	14	-0.684374
sp|Q01518|CAP1_H	CAP1	35	71	-0.591234	12	18	-0.590115
sp|O00400|ACATN_	SLC33A1	2	6	-0.592556	1	4	-0.157694
sp|Q15758|AAAT_H	SLC1A5	12	26	-0.592975	2	17	-0.543424
sp|Q9C0B5|ZDHC5_	ZDHHC5	0	8	-0.594492	0	10	-0.554991
sp|Q9P0L0|VAPA_H	VAPA	17	47	-0.594549	9	19	-0.626239
tr|G3V1K3|G3V1K3	PON2	10	36	-0.595357	10	28	-0.556519
sp|P52594-4|AGFG	AGFG1	8	12	-0.595648	6	3	-0.544575
sp|Q969N2|PIGT_H	PIGT	0	6	-0.595706	0	3	-0.789494
sp|Q5JSL3|DOC11_	DOCK11	5	15	-0.596619	0	3	-0.302992
sp|O95372|LYPA2_	LYPLA2	4	2	-0.597248	0	1	-0.600564
sp|Q14141|SEPT6_	6-Sep	3	17	-0.598285	4	7	-0.500374
sp|Q70UQ0|IKIP_H	IKBIP	1	9	-0.599714	0	1	-0.431355
sp|Q96CN7|ISOC1_	ISOC1	4	1	-0.601741	3	2	-0.503935

sp|Q16890|TPD53_	TPD52L1	10	12	-0.602901	2	1	-0.745462
sp|Q9Y6M5|ZNT1_	SLC30A1	5	37	-0.603349	4	24	-0.712749
sp|O75695|XRP2_	RP2	2	20	-0.60428	0	10	-0.788859
sp|Q53GA4|PHLA2	PHLDA2	2	7	-0.606475	0	5	-0.835447
sp|O15031|PLXB2_	PLXNB2	6	97	-0.607224	0	37	-0.494378
sp|Q709C8|VP13C_	VPS13C	21	12	-0.608393	4	2	-0.279548
sp|Q96BJ3|AIDA_H	AIDA	1	9	-0.608993	0	5	-0.771877
sp|Q9HAU5|RENT2	UPF2	8	2	-0.609515	0	2	-1.31092
sp|Q9UHX3|EMR2_	EMR2	0	1	-0.609517	0	1	-0.743732
sp|Q9BPX5|ARP5L_	ARPC5L	5	15	-0.611093	4	4	-0.626565
sp|Q9BQG0-2|MBB	MYBBP1A	39	5	-0.611787	4	1	0.169071
sp|Q5T5C0|STXB5_	STXBP5	2	5	-0.613576	0	1	-0.468691
sp|Q13263|TIF1B_	TRIM28	43	5	-0.613592	20	2	0.0852574
sp|O14939|PLD2_	PLD2	0	12	-0.613862	0	2	-0.539398
sp|O15173-2|PGRC	PGRMC2	11	21	-0.614724	7	13	-0.149956
sp|P10301|RRAS_H	RRAS	4	28	-0.616157	1	18	-0.678287
sp|P53621-2|COPA	COPA	35	25	-0.616314	7	3	-0.677561
sp|P61619|S61A1_	SEC61A1	1	11	-0.617514	0	4	-0.769194
sp|Q9H0U3|MAGT	MAGT1	4	9	-0.617662	2	6	-0.884332
sp|Q9H792|PEAK1_	PEAK1	10	7	-0.617944	4	2	-0.590972
sp|P04843|RPN1_	RPN1	42	123	-0.618296	15	48	-0.713295
sp|O60645|EXOC3_	EXOC3	0	20	-0.618345	0	2	-1.30735
sp|Q9NY12|GAR1_	GAR1	5	5	-0.61854	4	3	-0.358365
sp|P53004|BIEA_H	BLVRA	3	6	-0.623166	3	3	0.234471
sp|P30519|HMOX2	HMOX2	3	14	-0.623679	0	3	-0.839938
sp|Q01813|K6PP_	PFKP	24	24	-0.623907	9	12	-0.419412
sp|Q70JA7|CHSS3_	CHSY3	0	5	-0.624024	0	2	-0.862232
sp|Q96AY3|FKB10_	FKBP10	10	45	-0.624134	4	25	-0.46944
sp|Q9Y3I0|RTCB_H	RTCB	10	15	-0.625186	8	4	-0.0540897
sp|Q7Z460|CLAP1_	CLASP1	16	18	-0.627222	2	3	-1.28953
sp|Q96N66|MBOA	MBOAT7	3	10	-0.628326	0	1	-0.442867
sp|Q8WU90|ZC3H	ZC3H15	10	10	-0.629969	1	3	-0.282097
sp|Q9UDY2-7|ZO2_	TJP2	16	19	-0.630488	0	3	-0.00526578
sp|Q96PY5-3|FMN	FMNL2	2	63	-0.63089	2	25	-0.811338
sp|P52907|CAZA1_	CAPZA1	15	29	-0.633571	20	17	-0.569213
sp|Q96KA5|CLP1L_	CLPTM1L	5	19	-0.63412	1	8	-0.607564
tr|E7EVA0|E7EVA0	MAP4	178	168	-0.634586	76	53	-0.627529
sp|P08195|4F2_H	SLC3A2	75	440	-0.634793	51	298	-0.597901
sp|Q8TAE8|G45IP_	GADD45GIP1	1	5	-0.635385	1	1	0
sp|P04040|CATA_	CAT	6	24	-0.636018	2	6	-0.824698
sp|Q9Y224|CN166_	C14orf166	21	17	-0.636735	9	8	-0.610285
sp|O15020|SPTN2_	SPTBN2	16	36	-0.63727	8	10	-1.07892
sp|Q9UBS4|DJB11_	DNAJB11	6	17	-0.639275	6	10	-0.832985
sp|P33176|KINH_H	KIF5B	50	58	-0.643955	20	32	-0.694943
tr|J3QR46|J3QR46_	KIAA0040	0	6	-0.646189	0	2	-0.547494

sp|Q9HD20|AT131_	ATP13A1	4	11	-0.648019	0	3	0.185665
sp|P62166|NCS1_H	NCS1	3	8	-0.648596	1	3	-0.802543
sp|P21359|NF1_HU	NF1	7	5	-0.649178	0	2	-1.23506
sp|Q15904|VAS1_H	ATP6AP1	1	7	-0.649642	2	2	0
sp|O60568|PLOD3_	PLOD3	4	19	-0.65075	2	6	-0.630656
sp|Q93050-3|VPP1_	ATP6V0A1	4	20	-0.652096	0	5	-0.996297
sp|Q8IZP0|ABI1_HU	ABI1	2	8	-0.652118	1	5	-0.255623
sp|Q15392|DHC24_	DHCR24	4	14	-0.654504	1	3	-0.6476
sp|P39656|OST48_	DDOST	11	21	-0.654527	2	10	-0.812282
sp|P17812|PYRG1_	CTPS1	13	29	-0.655221	9	9	-0.804107
sp|Q9Y673|ALG5_H	ALG5	4	11	-0.655762	0	3	-0.945268
sp|P45877|PPIC_HU	PPIC	10	16	-0.656084	4	7	-0.930718
sp|Q96DZ1|ERLEC_	ERLEC1	0	3	-0.6568	0	1	-0.439696
sp|Q9H5V8|CDCP1_	CDCP1	1	32	-0.657122	1	12	-0.754516
sp|P84090|ERH_HU	ERH	5	2	-0.657333	0	1	-0.657471
sp|O43493|TGON2_	TGOLN2	6	14	-0.659339	0	1	-0.243162
sp|Q00653|NFKB2_	NFKB2	11	7	-0.659353	5	4	-0.49117
sp|P23284|PPIB_HU	PPIB	19	70	-0.66064	18	61	-0.75349
sp|O75381|PEX14_	PEX14	5	11	-0.663651	2	3	-0.933058
sp|Q8IXU6|S35F2_H	SLC35F2	2	5	-0.664559	0	1	0
sp|Q9NUP9|LIN7C_	LIN7C	5	22	-0.665619	4	10	-0.906215
sp|O95817|BAG3_H	BAG3	6	10	-0.665865	2	6	-0.631402
sp|O60701|UGDH_	UGDH	17	21	-0.665874	12	9	-0.335852
sp|P09496|CLCA_H	CLTA	4	9	-0.666118	1	5	-0.827423
sp|Q9UNF1|MAGD	MAGED2	17	10	-0.666413	9	6	-0.602712
sp|P63092-4|GNAS	GNAS	1	7	-0.666618	0	1	-0.776675
sp|Q9ULH0|KDIS_H	KIDINS220	5	41	-0.667039	1	13	-1.02245
sp|Q12767-2|K019	KIAA0195	0	2	-0.667133	0	2	0.0133325
sp|Q8IWB7|WDFY1	WDFY1	0	3	-0.667572	0	1	-0.78483
sp|Q96G23|CERS2_	CERS2	2	6	-0.668537	0	2	-0.567738
sp|Q6IAA8|LTOR1_	LAMTOR1	2	8	-0.669161	0	4	0.593043
sp|P52799|EFNB2_	EFNB2	0	1	-0.669493	0	1	-0.899674
sp|P41743|KPCI_HU	PRKCI	0	4	-0.669576	0	2	-0.901521
sp|Q16513|PKN2_H	PKN2	9	41	-0.670284	0	16	-0.592164
sp|Q96F07|CYFP2_	CYFIP2	9	17	-0.670331	2	9	-0.715543
sp|Q9H936|GHC1_	SLC25A22	1	2	-0.672195	1	2	-1.67953
sp|Q15003|CND2_	INCAPH	15	14	-0.672818	4	8	0.18695
sp|Q08722|CD47_H	CD47	1	16	-0.672913	0	4	-0.785944
sp|Q9NUQ9|FA49B	FAM49B	4	2	-0.673037	2	2	0.093573
sp|P22061-2|PIMT_	PCMT1	12	19	-0.673784	8	8	-0.945029
sp|O95197|RTN3_H	RTN3	6	12	-0.674141	4	6	-1.50776
sp|O96011|PX11B_	PEX11B	1	2	-0.67644	0	1	-0.765688
sp|P11279|LAMP1_	LAMP1	8	34	-0.677515	1	14	-0.601553
sp|P08069|IGF1R_H	IGF1R	0	24	-0.67759	0	6	-0.519949
sp|Q8N4C8|MINK1_	MINK1	4	12	-0.682379	0	7	-0.827281

sp|O14657|TOR1B_	TOR1B	2	17	-0.683602	0	2	-0.668325
sp|Q15084-2|PDIA	PDIA6	7	28	-0.684364	9	14	-0.690099
sp|P47755|CAZA2_	CAPZA2	5	8	-0.684451	5	1	-0.760193
sp|P39748|FEN1_H	FEN1	15	24	-0.684496	11	8	-0.41301
sp|Q9BZQ6|EDEM	EDEM3	0	3	-0.684803	1	1	-1.59701
sp|Q14156|EFR3A_	EFR3A	1	23	-0.686787	0	4	-0.704543
sp|P49419-2|AL7A	ALDH7A1	18	33	-0.687943	10	10	-0.819013
sp|Q6IQ22|RAB12_	RAB12	3	9	-0.689562	0	6	-0.780976
sp|Q8NCA5|FA98A	FAM98A	6	10	-0.690037	1	4	-0.587589
sp|Q5BJF2|TMM97	TMEM97	2	4	-0.690476	3	2	-0.381256
sp|P14649|MYL6B_	MYL6B	4	26	-0.690749	0	7	-0.709449
sp|Q9UHW9-2|S12	SLC12A6	4	18	-0.690798	0	4	-0.547756
sp|Q9Y320|TMX2_	TMX2	4	8	-0.691227	6	6	-0.332349
sp|Q9H299|SH3L3_	SH3BGRL3	6	7	-0.691679	6	2	-0.818555
sp|Q9Y5J7|TIM9_H	TIMM9	2	2	-0.691772	0	1	0
sp|P61009|SPCS3_	SPCS3	7	14	-0.692062	4	6	-0.807298
sp|P13797|PLST_H	PLS3	35	78	-0.693208	22	36	-0.692431
sp|P05026|AT1B1_	ATP1B1	9	29	-0.693215	0	10	-0.774398
sp|Q9Y3C8|UFC1_	UFC1	4	5	-0.693487	1	3	-0.574278
sp|Q32P28|P3H1_	LEPRE1	16	39	-0.693715	4	20	-0.649074
sp|Q9BRJ6|CG050_	C7orf50	9	9	-0.693916	6	3	-0.798482
sp|Q92804|RBP56_	TAF15	11	15	-0.694348	11	10	-0.853706
sp|P27797|CALR_H	CALR	63	189	-0.694405	54	107	-0.756949
sp|O14656|TOR1A_	TOR1A	1	8	-0.697087	2	4	-0.766243
sp|P06493|CDK1_	CDK1	16	25	-0.697933	7	2	-0.648251
sp|P11117|PPAL_H	ACP2	3	8	-0.697938	4	9	0.390724
sp|P21964|COMT_	COMT	4	19	-0.69807	4	10	-0.584403
sp|P46940|IQGA1_	IQGAP1	210	495	-0.698326	125	305	-0.653939
sp|Q9BRR6|ADPGK	ADPGK	4	12	-0.698342	0	4	-0.410286
sp|O75396|SC22B_	SEC22B	4	10	-0.699381	4	4	-0.699058
sp|Q5JTV8|TOIP1_	TOR1AIP1	10	11	-0.699618	8	10	-0.678575
sp|P0CG48|UBC_H	UBC	53	101	-0.700023	35	50	-0.754412
sp|Q9H0B6|KLC2_	KLC2	1	6	-0.700286	1	2	-0.838711
sp|Q9P0I2|EMC3_	EMC3	5	11	-0.70034	2	2	-0.714041
sp|P51809|VAMP7	VAMP7	2	16	-0.700538	2	5	-0.314533
sp|P60709|ACTB_H	ACTB	91	256	-0.700978	78	199	-0.645756
sp|Q8TBQ9|KISHA_	TMEM167A	2	4	-0.701224	1	2	-0.928052
sp|Q96S66|CLCC1_	CLCC1	2	6	-0.702961	1	1	-0.576582
sp|P01116-2|RASK_	KRAS	5	16	-0.703369	1	6	-0.78966
sp|O60762|DPM1_	DPM1	10	23	-0.703483	6	8	-0.657762
sp|Q9Y4L1|HYOU1	HYOU1	65	143	-0.703835	22	84	-0.705653
sp|P06756|ITAV_H	ITGAV	21	124	-0.704384	6	58	-0.664459
sp|P50281|MMP14	MMP14	0	5	-0.704748	0	1	-0.981745
sp|Q14247|SRC8_	CTTN	36	80	-0.705212	23	41	-0.681464
sp|Q15417|CNN3_	CNN3	20	34	-0.705236	10	22	-0.799861

sp|P18827|SDC1_H	SDC1	0	4	-0.705351	0	4	-0.764988
sp|Q86VI3|IQGA3_	IQGAP3	0	5	-0.708092	0	1	-1.01865
sp|Q86V81|THOC4	ALYREF	9	4	-0.708518	8	3	-0.567394
sp|Q9UMX5|NENF_	NENF	0	6	-0.710088	1	2	-0.621816
sp|P21333|FLNA_H	FLNA	340	794	-0.710413	197	429	-0.70629
sp|O75352|MPU1_	MPDU1	2	6	-0.710798	3	3	-0.807478
sp|O75915|PRAF3_	ARL6IP5	6	21	-0.711362	2	8	-1.38573
sp|P16435|NCPR_	POR	8	35	-0.712216	4	8	-0.800005
sp|P13667|PDIA4_	PDIA4	52	166	-0.715754	30	109	-0.719394
sp|Q15075|EEA1_	EEA1	44	35	-0.715825	11	5	-0.423601
sp|P30825|CTR1_H	SLC7A1	1	11	-0.716791	0	3	-0.896428
sp|Q92643|GPI8_H	PIGK	5	12	-0.71696	0	3	-0.817804
sp|O75718|CRTAP_	CRTAP	4	8	-0.717015	0	2	-0.84472
sp|A1L0T0|ILVBL_H	ILVBL	5	13	-0.718297	1	7	-0.945316
sp|Q12792|TWF1_	TWF1	7	9	-0.720444	6	7	-0.67039
sp|Q9NPA3|M1IP1	MID1IP1	3	1	-0.722247	1	2	-0.612805
sp|Q7Z3B1|NEGR1	NEGR1	0	2	-0.722292	0	2	-0.796716
sp|Q8NHG7|SVIP_	SVIP	0	3	-0.722476	0	4	-0.909005
sp|Q13586|STIM1_	STIM1	4	15	-0.723837	0	4	-0.750668
sp|Q96AG4|LRC59_	LRRC59	10	30	-0.725665	6	28	-0.677694
sp|O15269|SPTC1_	SPTLC1	3	8	-0.728805	0	4	-0.701042
sp|Q96A33|CCD47	CCDC47	9	39	-0.730422	2	10	-0.954696
sp|Q13151|ROA0_	HNRNPA0	9	2	-0.731317	6	2	-0.152043
sp|Q9NVA4|T184C	TMEM184C	0	3	-0.733367	0	3	-0.626383
sp|Q9P2B2|FPRP_	PTGFRN	4	33	-0.735033	0	14	-0.740747
sp|P46977|STT3A_	STT3A	4	15	-0.735542	1	2	-0.733563
sp|Q9NYB9|ABI2_	ABI2	5	8	-0.737372	2	2	-0.732649
tr|K7ELL7|K7ELL7_	PRKCSH	2	4	-0.737846	2	6	-0.7058
sp|P19404|NDUV2	NDUFV2	6	10	-0.738184	5	4	-0.918891
sp|Q13618|CUL3_	CUL3	9	7	-0.738657	3	3	-0.335305
sp|Q01970|PLCB3_	PLCB3	12	29	-0.739046	3	5	-0.245605
sp|Q8WVX9|FACR1	FAR1	3	8	-0.739274	2	3	-0.531976
sp|O75531|BAF_H	BANF1	16	19	-0.739661	9	9	-0.400405
sp|Q9ULQ1-3|TPC1	TPCN1	1	4	-0.740023	0	3	0.121027
sp|Q16643-3|DREB	DBN1	17	42	-0.745583	7	12	-0.798948
sp|O43670-2|ZN20	ZNF207	6	6	-0.746387	3	3	-1.2976
sp|Q9BQ61|CS043	C19orf43	3	3	-0.747158	1	1	-0.963994
sp|Q96C24|SYTL4_	SYTL4	0	14	-0.750813	0	2	-0.645117
sp|Q9BR76|COR1B	CORO1B	1	6	-0.751062	0	1	-0.826213
sp|P15311|EZRI_H	EZR	44	252	-0.751496	12	88	-0.728757
sp|Q10472|GALT1_	GALNT1	4	18	-0.751538	2	11	-0.596388
sp|Q00610|CLH1_	CLTC	95	127	-0.751567	34	48	-0.813732
sp|Q9NYU2|UGGG	UGGT1	32	92	-0.752582	11	41	-0.733479
sp|Q9H4G0-2|E41L	EPB41L1	2	10	-0.753856	0	5	-0.717563
sp|Q00765|REEP5_	REEP5	6	10	-0.755403	3	2	0.944463

sp|P20020|AT2B1_	ATP2B1	19	116	-0.756146	2	62	-0.632541
sp|Q6S8J3|POTEE_	POTEE	6	20	-0.757453	2	5	1.36704
sp|Q5T3F8|TM63B_	TMEM63B	0	4	-0.75781	0	1	-0.495936
sp|O43852-3|CALU	CALU	33	102	-0.758156	24	69	-0.841419
sp|Q14108|SCRB2_	SCARB2	6	47	-0.758884	3	19	0
sp|Q9H0A8|COMD	COMMD4	4	5	-0.75894	1	1	-0.755316
sp|O14776|TCRG1_	TCERG1	34	1	-0.759478	8	3	-0.342251
sp|P26368|U2AF2_	U2AF2	13	3	-0.762217	4	2	-1.07749
sp|P61158|ARP3_H	ACTR3	6	11	-0.762822	3	11	-0.885849
sp|P04844|RPN2_H	RPN2	26	76	-0.76323	9	31	-0.804041
sp|O95302|FKBP9_	FKBP9	7	17	-0.764203	8	12	-0.653584
sp|Q68D85|NR3L1_	NCR3LG1	0	6	-0.764422	0	3	-0.812257
sp|Q6P4Q7|CNNM	CNNM4	0	15	-0.76478	0	3	-0.629356
sp|P08754|GNAI3_	GNAI3	1	17	-0.769735	0	2	-1.03877
sp|O43169|CYB5B_	CYB5B	3	7	-0.769811	2	2	-0.71646
sp|Q8N392|RHG18	ARHGAP18	11	25	-0.770524	0	7	-0.818837
sp|P59998-3|ARPC	ARPC4	5	10	-0.771582	1	5	-1.06569
sp|P84085|ARF5_H	ARF5	10	9	-0.771597	7	2	-1.7878
sp|Q8TCJ2|STT3B_	STT3B	13	30	-0.772154	2	5	-0.925688
sp|Q8N3R9|MPP5_	MPP5	0	21	-0.776198	0	2	-0.606296
sp|Q5T5P2|SKT_HU	KIAA1217	6	7	-0.776921	5	3	-0.576845
sp|Q969M3-3|YIPF	YIPF5	1	4	-0.777232	1	1	-0.824507
sp|Q8TDW0|LRC8C	LRRC8C	0	29	-0.778091	0	4	-0.676026
sp|Q99536|VAT1_H	VAT1	11	22	-0.778722	11	20	-0.814519
sp|Q9NV96|CC50A_	TMEM30A	2	14	-0.780198	1	5	-0.13289
sp|Q15005|SPCS2_	SPCS2	6	12	-0.782267	0	7	-0.935789
sp|Q96SU4-6|OSBL	OSBPL9	8	11	-0.782633	1	7	-0.363377
sp|O14807|RASM_	MRAS	0	3	-0.783824	0	1	-0.82564
sp|Q9NTJ5|SAC1_H	SACM1L	2	16	-0.784399	0	4	-0.689733
sp|O15145|ARPC3_	ARPC3	6	10	-0.78519	1	5	-0.828137
sp|Q8WUF5|IASPP_	PPP1R13L	3	4	-0.788786	2	2	-0.687825
sp|Q14699|RFTN1_	RFTN1	1	28	-0.790378	0	10	-0.759705
sp|Q9UJZ1|STML2_	STOML2	6	18	-0.790549	5	10	-1.28197
sp|P21291|CSRP1_	CSRP1	21	69	-0.790552	10	25	-1.12476
sp|Q96E17|RAB3C_	RAB3C	1	6	-0.790594	1	3	-0.522021
sp|Q14644|RASA3_	RASA3	1	6	-0.790678	0	2	-0.435672
sp|P50570|DYN2_H	DNM2	32	32	-0.792997	9	5	-1.03156
sp|Q14165|MLEC_H	MLEC	9	23	-0.794217	7	8	-0.858785
sp|Q9H3Z4-2|DNJC	DNAJC5	4	11	-0.796955	1	6	0
sp|O75083|WDR1_	WDR1	26	55	-0.79865	20	34	-0.649155
sp|Q92783|STAM1_	STAM	3	8	-0.798949	2	4	-0.601923
sp|P67775|PP2AA_	PPP2CA	2	3	-0.799003	1	1	0.286569
sp|Q16851|UGPA_	UGP2	14	22	-0.799175	7	9	-0.844119
sp|P14314-2|GLU2	PRKCSH	43	79	-0.799995	16	37	-0.868208
sp|Q8IVT2|MISP_H	MISP	4	21	-0.800014	0	3	-0.446545

sp|Q9HC07|TM165	TMEM165	17	32	-0.800455	12	24	-0.622777
sp|Q15067|ACOX1_	ACOX1	5	10	-0.800792	0	2	-0.619461
sp|Q9Y6N7-2|ROB	ROBO1	9	63	-0.802462	2	22	-0.957767
sp|P46063|RECQ1_	RECQL	23	13	-0.80292	12	10	-0.690156
sp|P23469|PTPRE_	PTPRE	0	4	-0.803549	0	1	-0.967722
sp|P62736|ACTA_	ACTA2	102	232	-0.803684	70	161	-0.727353
sp|Q9NV70|EXOC1	EXOC1	2	13	-0.804283	0	1	-0.872162
sp|P48449|ERG7_	LSS	6	14	-0.804339	2	8	-0.730271
sp|O15144|ARPC2_	ARPC2	24	60	-0.80434	17	15	-0.92047
sp|P23528|COF1_	CFL1	80	198	-0.807897	41	61	-0.849939
sp|P51572-2|BAP3	BCAP31	14	43	-0.808369	4	15	-0.86271
sp|Q52LJ0-2|FA98	FAM98B	7	3	-0.808698	4	1	-0.986181
sp|Q9BTV4|TMM4	TMEM43	3	13	-0.809053	0	4	-0.712265
sp|Q15907|RB11B_	RAB11B	12	29	-0.812749	8	14	-0.729167
sp|Q6PIU2-2|NCEH	NCEH1	3	7	-0.815546	0	3	-1.27266
sp|Q99650|OSMR_	OSMR	3	9	-0.816013	0	4	-0.567109
sp|Q7Z2K8|GRIN1_	GPRIN1	1	13	-0.816934	0	3	-0.927551
sp|Q08257|QOR_H	CRYZ	11	21	-0.817446	8	7	-0.401896
sp|Q8NFQ8|TOIP2_	TOR1AIP2	3	23	-0.817567	1	5	-0.581337
sp|Q96A49|SYAP1_	SYAP1	7	3	-0.817629	7	3	-1.19975
sp|P98196|AT11A_	ATP11A	0	3	-0.817727	0	1	-0.59422
sp|P11021|GRP78_	HSPA5	106	318	-0.820116	69	236	-0.790596
sp|Q92508|PIEZ1_	PIEZO1	2	7	-0.820266	0	4	-0.58623
sp|P67812|SC11A_	SEC11A	4	10	-0.822346	1	1	-0.906568
sp|P51828|ADCY7_	ADCY7	0	3	-0.822465	0	1	-1.20097
sp|P32856|STX2_H	STX2	0	10	-0.822715	0	3	-0.383969
sp|P52294|IMA5_	KPNA1	7	4	-0.824225	1	1	0.0397892
sp|O15260|SURF4_	SURF4	6	19	-0.824744	0	5	-0.894522
sp|O95425|SVIL_H	SVIL	17	38	-0.82615	6	10	-0.751938
sp|P11233|RALA_H	RALA	4	17	-0.827371	3	6	-1.02893
sp|O14966|RAB7L_	RAB7L1	0	4	-0.828116	0	2	-0.774129
sp|P61160-2|ARP2	ACTR2	10	29	-0.828484	12	13	-0.784045
sp|P13861|KAP2_H	PRKAR2A	5	11	-0.829463	5	2	-0.734027
sp|P61020|RAB5B_	RAB5B	4	18	-0.830035	0	16	-0.905942
sp|Q14194-2|DPYL	CRMP1	10	19	-0.831069	9	14	-0.456665
sp|O15143|ARC1B_	ARPC1B	11	12	-0.831094	5	7	-0.566543
sp|Q9H4G0|E41L1_	EPB41L1	19	88	-0.831215	1	32	-0.781631
sp|P61106|RAB14_	RAB14	10	26	-0.831707	6	10	-0.840478
sp|P35270|SPRE_H	SPR	3	7	-0.832511	0	2	-0.632773
sp|Q9UIQ6|LCAP_	LNPEP	15	67	-0.832758	2	17	-0.912275
sp|Q96S52|PIGS_H	PIGS	2	5	-0.833918	0	1	0.839627
sp|P48723|HSP13_	HSPA13	3	10	-0.834433	0	1	-0.185085
sp|Q9BXS9|S26A6_	SLC26A6	0	7	-0.835411	0	2	-0.587414
sp|P06396|GELS_H	GSN	21	29	-0.836944	7	11	-0.743165
sp|Q14651|PLSI_H	PLS1	1	4	-0.837302	2	2	0.315394

sp|P09110|THIK_H	ACAA1	0	6	-0.839136	0	1	-1.12064
sp|P02794|FRIH_H	FTH1	17	28	-0.839374	4	3	-0.969182
sp|Q13428-4|TCOF	TCOF1	66	39	-0.840435	31	5	-0.684871
sp|P29992|GNA11_	GNA11	0	22	-0.841123	0	12	-0.800792
sp|P36873-2|PP1G_	PPP1CC	5	7	-0.842278	4	1	0.090422
sp|Q8TCT9|HM13_	HM13	6	39	-0.843117	10	32	-0.786922
sp|Q99569-2|PKP4_	PKP4	0	19	-0.843526	0	8	-1.00678
sp|O60658|PDE8A_	PDE8A	1	3	-0.844821	0	2	-1.00848
sp|P16144|ITB4_H	ITGB4	3	14	-0.844829	0	8	-0.409647
sp|Q9H6B4|CLMP_	CLMP	0	6	-0.845548	0	2	-0.554873
sp|Q9Y6M4-2|KC1	CSNK1G3	0	20	-0.849428	0	5	-0.75732
sp|P27824|CALX_H	CANX	65	162	-0.8495	23	89	-0.880788
sp|Q9BRX8|F213A_	FAM213A	1	13	-0.85009	1	4	-0.756742
sp|P19256|LFA3_H	CD58	1	8	-0.850164	0	7	-0.838168
sp|Q9Y6A9|SPCS1_	SPCS1	3	11	-0.851646	2	5	-0.871452
sp|Q96Q45-3|TM2	TMEM237	2	12	-0.853635	0	8	-1.13425
sp|Q05707|COEA1_	COL14A1	4	17	-0.856117	2	5	-0.59134
sp|P63000-2|RAC1_	RAC1	5	21	-0.85745	2	11	-0.979747
sp|Q8IVF7|FMNL3_	FMNL3	0	7	-0.858069	0	4	-1.78669
sp|O60669|MOT2_	SLC16A7	2	13	-0.859709	0	5	-0.694704
sp|P78310|CXAR_	CXADR	5	55	-0.859968	3	23	-0.941988
sp|Q02809|PLOD1_	PLOD1	19	51	-0.862881	12	38	-0.885989
sp|P20339|RAB5A_	RAB5A	2	15	-0.863903	7	12	-0.832601
sp|P15121|ALDR_	AKR1B1	19	27	-0.863937	12	7	-1.07625
sp|Q6UW63|KDEL1	KDELC1	2	12	-0.864052	1	4	-0.747543
sp|Q12923-4|PTN1	PTPN13	4	59	-0.865626	0	12	-1.02761
sp|P46459|NSF_H	NSF	20	58	-0.866512	10	28	-0.96718
sp|P51153|RAB13_	RAB13	1	24	-0.867724	0	6	-0.990746
sp|Q8NB49|AT11C_	ATP11C	0	17	-0.869331	0	8	-0.651332
sp|Q8NBJ5|GT251_	COLGALT1	12	42	-0.869432	3	16	-0.376571
sp|Q9GZU7-2|CTDS	CTDSP1	0	4	-0.87069	0	2	-0.177485
sp|P22694-2|KAPC	PRKACB	5	10	-0.871154	2	3	-0.514263
sp|P14625|ENPL_H	HSP90B1	115	246	-0.871417	39	154	-0.897618
sp|P62256|UBE2H_	UBE2H	4	10	-0.871467	5	2	-0.796515
sp|Q9BUF5|TBB6_	TUBB6	8	8	-0.871847	5	2	-1.2586
sp|A6NDU8|CE051_	C5orf51	4	2	-0.872092	4	2	-0.865158
sp|O43491|E41L2_	EPB41L2	37	156	-0.872908	9	57	-0.877684
sp|Q9Y2T2|AP3M1_	AP3M1	4	4	-0.873335	0	1	-0.853892
sp|P13987|CD59_	CD59	2	9	-0.873974	2	5	-0.907858
sp|Q9UPY5|XCT_H	SLC7A11	6	26	-0.875131	1	20	-0.842154
sp|Q9BSJ8-2|ESYT1	ESYT1	22	54	-0.880615	6	24	-0.881745
sp|P08581|MET_H	MET	3	34	-0.881317	0	8	-0.864812
sp|O75643|U520_	SNRNP200	65	6	-0.882568	31	1	-0.576227
sp|Q9BTU6|P4K2A_	PI4K2A	1	16	-0.88311	0	4	-0.488324
sp|Q96TA2|YMEL1_	YME1L1	1	2	-0.885152	0	2	-1.70509

sp|P62834|RAP1A_	RAP1A	12	49	-0.885466	7	25	-0.836814
sp|O95466-3|FMN	FMNL1	13	33	-0.885635	3	10	-1.1627
sp|P35914|HMGCL	HMGCL	3	7	-0.88601	4	3	-1.01069
sp|Q9P0V3|SH3B4_	SH3BP4	6	44	-0.887059	0	19	-0.700951
sp|O43795|MYO1B	MYO1B	25	105	-0.889965	1	42	-0.92073
sp|Q14118|DAG1_	DAG1	5	42	-0.890057	1	12	-0.885455
sp|O95208|EPN2_	EPN2	5	15	-0.891478	1	5	-0.704421
sp|Q9ULC3|RAB23	RAB23	2	16	-0.891764	3	5	-1.04184
sp|P07951-2|TPM2	TPM2	7	15	-0.891904	7	16	-0.926562
sp|P30101|PDIA3_	PDIA3	51	169	-0.892167	25	106	-0.906737
sp|Q96C36|P5CR2_	PYCR2	11	5	-0.892176	6	6	-0.187674
sp|P40189|IL6RB_	IL6ST	0	16	-0.892249	0	2	0
sp|P09493-3|TPM1	TPM1	13	21	-0.892727	4	1	-1.99623
sp|Q96IZ0|PAWR_	PAWR	5	11	-0.893354	1	4	-0.447783
sp|Q8NC56|LEMD2	LEMD2	2	2	-0.898129	1	2	-0.809211
sp|P40616|ARL1_H	ARL1	6	1	-0.899413	4	2	-0.727861
sp|P62820|RAB1A_	RAB1A	11	31	-0.901045	12	15	-0.950877
sp|Q9H0U4|RAB1B	RAB1B	6	23	-0.901226	6	9	-0.666326
sp|P49757|NUMB_	NUMB	0	9	-0.901495	0	2	-0.334406
sp|Q9UHG3|PCYO	PCYOX1	4	18	-0.902621	2	3	-0.863848
sp|Q9HDC9|APMA	APMAP	9	16	-0.903232	3	9	-1.09048
sp|O95070|YIF1A_	YIF1A	0	1	-0.905001	0	4	-1.04338
sp|Q8N8S7|ENAH_	ENAH	4	17	-0.905282	8	17	-0.870547
sp|O75787|RENR_	ATP6AP2	3	17	-0.906735	2	2	-0.365745
sp|P68366|TBA4A_	TUBA4A	4	10	-0.907246	2	5	-0.816556
sp|Q9NZ08-2|ERAP	ERAP1	2	14	-0.909591	0	1	-0.891279
sp|Q9Y5U9|IR3IP_	IER3IP1	2	3	-0.910178	2	2	-0.764039
sp|Q9Y6B6|SAR1B_	SAR1B	7	6	-0.912026	2	1	-1.00028
sp|O94979-8|SC31	SEC31A	31	17	-0.912442	2	4	-0.618181
sp|O95292|VAPB_	VAPB	12	36	-0.91248	9	23	-0.897888
sp|Q9NR31|SAR1A	SAR1A	6	7	-0.91348	4	2	-0.957776
sp|O75886|STAM2	STAM2	2	15	-0.916756	1	6	-1.38475
sp|Q9Y426|CU025_	C2CD2	1	7	-0.916882	0	5	-0.565546
sp|P57088|TMM33	TMEM33	3	4	-0.916913	0	2	-0.763793
sp|O75844|FACE1_	ZMPSTE24	15	50	-0.917202	3	18	-0.610292
sp|Q9NYU1|UGGG	UGGT2	1	18	-0.918644	0	1	-0.575753
sp|O94915|FRYL_H	FRYL	15	6	-0.919382	2	2	-0.663925
sp|Q8WUX1|S38A	SLC38A5	3	17	-0.919444	0	11	-0.725876
sp|Q9Y5K6|CD2AP_	CD2AP	5	27	-0.91982	4	8	-0.805001
sp|Q9Y3B8|ORN_H	REXO2	3	5	-0.921564	1	1	-0.773252
sp|Q99715|COCA1	COL12A1	25	67	-0.923801	0	18	-0.867916
sp|P52895|AK1C2_	AKR1C2	15	22	-0.924734	15	13	-0.98058
sp|Q9Y3E5|PTH2_	PTRH2	4	8	-0.92543	4	4	-0.939439
sp|P54760|EPHB4_	EPHB4	0	10	-0.927739	0	2	-0.424995
sp|Q9HCJ1|ANKH_	ANKH	0	5	-0.930769	0	1	-0.41926

sp|Q8N9N7|LRC57_	LRRC57	7	22	-0.931782	1	12	-0.818964
sp|P31040|DHSA_	SDHA	14	30	-0.931937	5	14	-1.14284
sp|Q14642|I5P1_H	INPP5A	0	7	-0.934336	0	1	0.124534
sp|Q7L1W4|LRC8D_	LRRC8D	0	80	-0.935987	0	36	-0.873844
sp|P29966|MARCS_	MARCKS	37	107	-0.937018	19	62	-1.03258
sp|Q96RT1-8|LAP2_	ERBB2IP	7	105	-0.938049	0	61	-0.89392
sp|Q03113|GNA12_	GNA12	4	18	-0.938066	2	13	-0.996332
sp|Q96EY8|MMAB_	MMAB	4	3	-0.93847	2	2	-1.27235
sp|Q9NZW5|MPP6_	MPP6	4	25	-0.942089	1	9	-1.08671
sp|Q9NUQ7|UFSP2	UFSP2	4	14	-0.942199	0	3	-2.56882
sp|O75116|ROCK2_	ROCK2	34	116	-0.94238	8	41	-0.835961
sp|Q8TAT6-2|NPL4_	NPLOC4	12	11	-0.943997	8	8	-0.776576
sp|Q14677-3|EPN4	CLINT1	15	17	-0.944489	7	11	-0.492429
sp|P11234|RALB_H	RALB	2	26	-0.945072	1	9	-1.00735
sp|Q9NPH3-5|IL1A	IL1RAP	0	3	-0.947398	0	1	-1.05461
sp|O75122|CLAP2_	CLASP2	6	5	-0.948209	4	3	-0.599146
sp|Q9UKE5|TNIK_	TNIK	2	11	-0.948927	0	4	-0.533681
sp|Q9NRR3|C42S2_	CDC42SE2	1	10	-0.9508	3	7	-0.847284
sp|Q9NZ45|CISD1_	CISD1	8	14	-0.952511	3	6	-0.953213
sp|O15511-2|ARPC	ARPC5	8	18	-0.952894	3	5	-1.09559
sp|Q9UNF0|PACN2	PACSIN2	6	17	-0.954235	5	15	-0.977808
sp|Q13813-2|SPTN	SPTAN1	192	421	-0.955014	82	203	-0.944998
sp|P27449|VATL_H	ATP6V0C	7	21	-0.9566	1	7	-0.538376
sp|Q96KP1|EXOC2_	EXOC2	13	31	-0.956818	1	10	-1.11427
sp|Q15262-3|PTPR	PTPRK	0	12	-0.95813	0	6	-1.40815
sp|Q9NSV4|DIAP3_	DIAPH3	11	14	-0.95822	1	2	-0.242273
sp|P67870|CSK2B_	CSNK2B	5	6	-0.958224	6	1	0.0509057
sp|P61026|RAB10_	RAB10	11	36	-0.958502	1	11	-1.11252
sp|Q12965|MYO1E	MYO1E	27	68	-0.958561	6	27	-1.1087
sp|Q99747|SNAG_	NAPG	7	12	-0.958569	1	3	-0.628966
sp|P16615|AT2A2_	ATP2A2	36	87	-0.959781	10	49	-0.980224
sp|P07237|PDIA1_	P4HB	66	190	-0.959895	32	96	-0.892658
sp|Q9H6E4|CC134_	CCDC134	5	12	-0.96294	1	4	-0.844086
sp|Q9NX47|MARH	5-Mar	1	2	-0.965213	0	1	0
sp|O00264|PGRC1_	PGRMC1	5	9	-0.971736	5	5	-1.76951
sp|Q9HCC0|MCCB_	MCCC2	2	11	-0.972039	1	4	-0.833358
sp|Q15286|RAB35_	RAB35	3	18	-0.975013	1	8	-1.00215
sp|P61006|RAB8A_	RAB8A	15	46	-0.976566	4	14	-0.984233
sp|P60981|DEST_H	DSTN	10	17	-0.977198	12	4	-1.20439
sp|P42126|ECI1_H	ECI1	3	6	-0.977219	1	1	-1.45222
sp|Q13136|LIPA1_	PPFIA1	7	12	-0.9785	3	3	-0.87435
sp|Q9Y606|TRUA_	PUS1	2	7	-0.979156	2	2	-0.634937
sp|Q9UPT5|EXOC7_	EXOC7	2	27	-0.980669	2	4	-0.19417
sp|P00167|CYB5_H	CYB5A	3	7	-0.981701	1	2	-0.222332
sp|O00116|ADAS_	AGPS	17	35	-0.981925	6	12	-1.10397

sp|Q2M2I8|AAK1_I	AAK1	12	21	-0.98249	3	9	-1.27996
sp|Q14BN4|SLMAP	SLMAP	5	15	-0.982861	0	9	-1.68642
sp|Q14435|GALT3_	GALNT3	1	12	-0.984197	0	2	-0.986862
sp|P61421|VA0D1_	ATP6V0D1	4	22	-0.98547	0	12	-0.569058
sp|Q8IWA4|MFN1_	MFN1	0	3	-0.985493	0	1	-1.71747
sp|Q92692-2|PVRL	PVRL2	1	5	-0.987737	0	4	-0.592269
sp|Q2PZI1|D19L1_I	DPY19L1	0	8	-0.988311	0	3	-1.07979
sp|Q13740|CD166_	ALCAM	11	65	-0.99142	1	43	-1.07596
sp|P30044|PRDX5_	PRDX5	15	30	-0.99166	7	7	-1.30645
sp|Q9NW15|ANO1	ANO10	0	16	-0.991742	1	8	-1.30553
sp|Q14344|GNA13_	GNA13	2	18	-0.994028	0	4	-1.25707
sp|Q8TBX8|PI42C_I	PIP4K2C	1	12	-0.994249	0	7	-0.759834
sp|Q12959-2|DLG1	DLG1	7	43	-0.99433	2	16	-0.912793
sp|Q01082|SPTB2_	SPTBN1	142	335	-0.994364	64	127	-1.04719
sp|P17252|KPCA_H	PRKCA	13	32	-0.995246	10	20	-0.477924
sp|O43852-4|CALU	CALU	3	7	-0.999448	2	3	-1.26134
sp|P32455|GBP1_H	GBP1	9	12	-1.0002	5	2	-2.10692
sp|Q8N8Z6|DCBD1_	DCBLD1	0	3	-1.00159	0	5	-1.49117
sp|P50148|GNAQ_	GNAQ	0	9	-1.00202	0	5	-1.07954
sp|Q9P206-2|K152	KIAA1522	0	7	-1.00206	0	1	-0.733835
sp|P61224|RAP1B_	RAP1B	4	11	-1.00296	4	10	-0.990037
sp|P84157|MXRA7_	MXRA7	1	5	-1.00507	2	4	-1.13146
sp|Q8N6T3-2|ARF	ARFGAP1	6	2	-1.00674	3	2	0.0717033
sp|Q6IAN0|DRS7B_	DHRS7B	1	3	-1.00829	0	1	-0.944953
sp|Q86Y82|STX12_	STX12	3	8	-1.00907	0	3	-0.160225
sp|P18031|PTN1_H	PTPN1	8	22	-1.01198	3	13	-1.26589
sp|Q6GMV3|PTRD	PTRHD1	2	9	-1.01443	1	2	-1.21816
sp|Q96DM3|MIC1_	C18orf8	0	4	-1.01633	0	1	-0.994527
sp|Q9Y639|NPTN_I	NPTN	4	29	-1.01766	0	12	-1.32591
sp|P62070|RRAS2_	RRAS2	1	27	-1.01836	0	10	-0.96663
sp|Q9Y679|AUP1_	AUP1	1	9	-1.01838	0	2	-0.111141
sp|Q13464|ROCK1_	ROCK1	19	67	-1.01848	1	23	-1.00623
sp|Q8N2K1-3|UB2J	UBE2J2	0	4	-1.01886	0	4	-0.362094
sp|O95139|NDUB6	NDUFB6	5	9	-1.01927	1	1	-0.654774
sp|Q3ZAQ7|VMA2	VMA21	0	2	-1.0196	0	2	-0.626283
sp|Q8NBX0|SCPDL_	SCCPDH	4	11	-1.02105	1	4	-1.37982
sp|Q7L311|ARMX2_	ARMCX2	4	7	-1.02334	2	4	-0.895495
sp|P11047|LAMC1_	LAMC1	26	55	-1.02373	7	25	-0.930569
sp|P04792|HSPB1_	HSPB1	18	26	-1.02481	8	10	-1.13008
sp|Q53EP0|FND3B_	FNDC3B	5	10	-1.02501	4	3	-2.21608
sp|Q9P035|HACD3_	PTPLAD1	13	27	-1.02987	2	7	-1.14812
sp|O96005|CLPT1_	CLPTM1	10	23	-1.03029	2	10	-1.00913
sp|Q92626|PXDN_I	PXDN	8	19	-1.03068	0	4	-1.09172
sp|P35240-2|MERL	NF2	0	8	-1.03165	0	2	-1.07548
sp|Q15599-2|NHR	SLC9A3R2	0	4	-1.03336	0	2	-0.462798

sp|P13674-2|P4HA	P4HA1	10	26	-1.04077	6	10	-1.11411
sp|P04216|THY1_H	THY1	1	7	-1.04091	1	6	-0.895283
sp|Q16762|THTR_	TST	4	8	-1.04127	0	2	-1.29284
sp|P16520|GBB3_	GNB3	0	3	-1.04221	0	2	-1.09995
sp|Q9BYT8|NEUL_	NLN	13	19	-1.04247	1	3	-1.17291
sp|Q6T4R5|NHS_H	NHS	0	15	-1.04284	0	8	-1.31636
sp|O75165|DJC13_	DNAJC13	22	48	-1.0442	7	16	-0.862763
sp|O95361|TRI16_	TRIM16	17	21	-1.04631	7	2	-0.637105
sp|Q5NDL2|EOGT_	EOGT	1	1	-1.0486	0	2	-0.366247
sp|Q9UBX3-2|DIC_	SLC25A10	10	15	-1.05174	6	7	-1.09254
sp|O95169|NDUB8	NDUFB8	4	6	-1.05215	5	4	-0.372355
sp|P24752|THIL_H	ACAT1	7	18	-1.05654	7	8	-1.2214
sp|Q8NE01|CNNM	CNNM3	0	7	-1.05753	0	2	0
sp|Q9C0K1|S39A8_	SLC39A8	0	1	-1.05765	0	1	-0.308271
sp|O14908|GIPC1_	GIPC1	1	5	-1.06103	1	1	-0.564007
sp|Q99470|SDF2_	SDF2	6	18	-1.06123	6	8	-0.937523
sp|Q9UL26|RB22A	RAB22A	0	7	-1.06212	0	2	-1.08609
sp|Q6DD88|ATLA3	ATL3	13	31	-1.0638	15	29	-1.07766
sp|O75503|CLN5_	CLN5	0	2	-1.06436	0	1	-0.909419
sp|Q86WC4|OSTM	OSTM1	0	7	-1.0647	0	3	0.497922
sp|Q99755-3|PI51	PIP5K1A	0	16	-1.06598	0	4	0
sp|Q13011|ECH1_	ECH1	11	12	-1.06613	3	1	-0.459608
sp|O14639|ABLM1	ABLIM1	3	6	-1.06644	2	14	-0.823913
sp|Q96A65|EXOC4	EXOC4	11	29	-1.06708	1	3	-0.917833
sp|O94973-2|AP2A	AP2A2	13	37	-1.06945	0	19	-1.11992
sp|Q9H3M7|TXNIP	TXNIP	0	11	-1.06947	0	3	0.246253
sp|Q9BX68|HINT2_	HINT2	6	14	-1.06947	5	5	-1.58272
sp|Q9P2E9|RRBP1_	RRBP1	61	108	-1.07032	27	52	-1.05483
sp|Q7Z2H8|S36A1_	SLC36A1	0	4	-1.07082	0	3	-0.24192
sp|Q16836-2|HCD	HADH	13	11	-1.07355	6	9	-1.71568
sp|Q9P0K7-2|RAI1	RAI14	37	99	-1.07566	10	51	-1.02862
sp|A2A3N6|PIPSL_	PIPSL	3	8	-1.07605	2	4	-0.0251541
sp|Q9UIJ7|KAD3_H	AK3	8	14	-1.07998	4	4	-1.26429
sp|P51148-2|RAB5	RAB5C	11	26	-1.08288	18	25	-0.975137
sp|Q8IWA5-2|CTL2	SLC44A2	0	8	-1.08526	0	7	-0.713768
sp|P04899|GNAI2_	GNAI2	5	45	-1.08819	2	26	-1.26381
sp|Q96J84-2|KIRR1	KIRREL	0	6	-1.08918	0	4	-0.577655
sp|Q6P3W7|SCYL2	SCYL2	8	7	-1.08942	3	2	-0.839782
sp|Q9NR12|PDLI7_	PDLIM7	16	25	-1.09333	14	22	-0.92968
sp|O60493|SNX3_	SNX3	5	9	-1.0941	2	2	-1.15796
sp|Q9Y4G6|TLN2_	TLN2	26	87	-1.09741	13	28	-1.1301
sp|O75521|ECI2_H	ECI2	7	18	-1.09815	2	6	-1.06227
sp|O96000|NDUBA	NDUFB10	7	16	-1.09834	0	1	-0.461423
sp|O75208|COQ9_	COQ9	1	1	-1.10069	0	1	-1.04735
sp|Q8IUX1|T126B_	TMEM126B	1	5	-1.10096	2	1	-1.52206

sp|P07954|FUMH_	FH	32	54	-1.10258	15	18	-1.33772
sp|P00846|ATP6_H	MT-ATP6	5	6	-1.10418	2	2	-3.23821
sp|O75970|MPDZ_	MPDZ	3	29	-1.1055	2	3	-1.10623
sp|Q14696|MESD_	MESDC2	13	28	-1.10556	6	15	-1.12674
sp|P26006|ITA3_H	ITGA3	15	57	-1.10572	4	25	-1.21796
sp|P78356|PI42B_	PIP4K2B	2	22	-1.10655	1	15	-1.64159
sp|P49821|NDUV1	NDUFV1	2	7	-1.10713	1	1	-1.12998
sp|O14974|MYPT1	PPP1R12A	23	63	-1.10759	8	32	-1.58985
sp|P04179|SODM_	SOD2	13	25	-1.10814	8	11	-1.36172
sp|O75489|NDUS3	NDUFS3	8	11	-1.11075	2	4	-1.44584
sp|Q9Y277-2|VDAC	VDAC3	24	56	-1.11229	11	35	-1.09693
sp|P31937|3HIDH_	HIBADH	13	21	-1.11284	17	15	-1.50172
sp|Q12931|TRAP1_	TRAP1	28	49	-1.11296	8	13	-1.13332
sp|O60437|PEPL_H	PPL	49	53	-1.11301	15	9	-1.0506
sp|Q8WX93|PALLD	PALLD	14	34	-1.11496	5	5	-1.26228
sp|Q07065|CKAP4_	CKAP4	33	108	-1.12083	17	53	-1.09144
sp|P62879|GBB2_	GNB2	2	22	-1.12564	1	14	-1.02884
sp|Q8WVM0|TFB1	TFB1M	1	7	-1.12951	0	1	-1.54772
sp|P57105|SYJ2B_	SYNJ2BP	3	7	-1.1348	3	3	-1.24534
sp|Q9UL01|DSE_H	DSE	0	4	-1.13988	0	3	-0.14475
sp|Q6WCQ1-2|MPI	MPRIP	28	65	-1.14029	3	19	-1.04401
sp|P56199|ITA1_H	ITGA1	7	125	-1.14132	1	47	-1.07394
sp|Q16204|CCDC6_	CCDC6	10	1	-1.14202	2	1	-0.655151
sp|Q05655|KPCD_	PRKCD	0	12	-1.14295	1	2	-0.267071
sp|P10606|COX5B_	COX5B	3	8	-1.14307	3	3	-1.61417
sp|P54289|CA2D1_	CACNA2D1	10	86	-1.14434	4	57	-1.18519
sp|Q9UHR4|BI2L1_	BAIAP2L1	0	21	-1.14698	1	10	-1.06003
sp|Q8TED1|GPX8_	GPX8	7	13	-1.14726	2	3	-1.12989
sp|Q9UHN6|TMEM	TMEM2	1	20	-1.14871	0	3	-1.99414
sp|Q16795|NDUA9	NDUFA9	6	9	-1.14889	2	2	-0.951389
sp|Q8N5G0|SMI20	SMIM20	2	5	-1.14907	2	1	-1.8601
sp|P28331-2|NDUS	NDUFS1	10	24	-1.15084	0	5	-1.13854
sp|Q9BT09|CNPY3	CNPY3	2	6	-1.15097	5	5	-0.868828
sp|Q96BR5|SELR1_	SELRC1	2	6	-1.15213	0	1	-1.65527
sp|P98194|AT2C1_	ATP2C1	9	19	-1.15624	1	10	-0.711086
sp|Q9BZG1|RAB34	RAB34	9	29	-1.15675	2	7	-1.0028
sp|Q70UQ0-4|IKIP_	IKBIP	14	24	-1.15754	4	14	-0.913577
sp|O15118|NPC1_	NPC1	5	11	-1.15797	0	1	0.0213222
sp|P48960|CD97_	CD97	3	32	-1.15912	1	13	-1.14158
sp|Q9NPJ3|ACO13	ACOT13	5	10	-1.15936	4	3	-1.57416
sp|O15460|P4HA2	P4HA2	5	9	-1.16012	0	4	-1.17491
sp|Q03001|DYST_	DST	79	195	-1.16502	21	50	-0.984928
sp|Q00059|TFAM_	TFAM	8	13	-1.16552	1	4	-1.45955
sp|P35232|PHB_H	PHB	5	19	-1.16684	3	6	-1.28903
sp|P28288|ABCD3_	ABCD3	3	11	-1.16819	0	4	-0.553332

sp|O43181|NDUS4_	NDUFS4	6	7	-1.16925	1	1	-1.23588
sp|Q9ULV4-3|COR	CORO1C	7	19	-1.16943	2	9	-0.702951
sp|P84095|RHOG_	RHOG	4	18	-1.17044	4	14	-1.21658
sp|P05091|ALDH2_	ALDH2	13	33	-1.17105	11	17	-1.36082
sp|P08670|VIME_	VIM	96	76	-1.17165	61	35	-0.942323
sp|Q9UM00|TMCO	TMCO1	4	10	-1.17237	1	3	-1.02664
sp|Q9HAC8|UBTD1	UBTD1	0	7	-1.17283	0	1	-0.926788
sp|Q9C0E8|LNP_H	LNP	0	9	-1.17393	2	6	-0.855815
sp|Q99808|S29A1_	SLC29A1	0	8	-1.17394	0	1	-1.37192
sp|Q9BZF9|UACA_	UACA	1	13	-1.17474	0	6	-1.57169
sp|Q96CW1|AP2M	AP2M1	5	34	-1.17559	2	14	-1.2274
sp|P32456|GBP2_	GBP2	4	2	-1.1784	2	1	-0.254465
sp|P05556|ITB1_H	ITGB1	30	177	-1.18118	10	73	-1.22314
sp|Q9NXD2|MTMR	MTMR10	0	9	-1.18211	0	4	-1.58508
sp|P02786|TFR1_H	TFRC	98	265	-1.18221	42	133	-1.20127
sp|P54819|KAD2_	AK2	20	35	-1.1847	13	14	-1.43444
sp|P23458|JAK1_H	JAK1	0	20	-1.18714	0	11	-1.06106
sp|Q6UWP7|LCLT1	LCLAT1	0	6	-1.18884	0	4	-1.18884
sp|O00217|NDUS8	NDUFS8	7	11	-1.18898	1	2	-1.3117
sp|P10114|RAP2A_	RAP2A	0	4	-1.19051	0	1	-1.19706
tr|E7EN19|E7EN19	MAP4K4	0	4	-1.19118	0	2	-1.06294
sp|Q7L2E3-2|DHX3	DHX30	16	27	-1.1913	5	5	-1.5681
sp|Q9UBC2-2|EP15	EPS15L1	18	39	-1.19148	1	12	-1.12661
sp|P23634|AT2B4_	ATP2B4	7	43	-1.1916	1	26	-1.06093
sp|Q9Y4D7|PLXD1_	PLXND1	1	45	-1.19605	0	12	-1.04517
sp|P82909|RT36_H	MRPS36	4	11	-1.19668	4	8	0
sp|Q15147-4|PLCB	PLCB4	0	22	-1.20051	0	2	-1.23449
sp|P08574|CY1_H	CYC1	14	15	-1.20257	5	14	-1.38241
sp|P07942|LAMB1_	LAMB1	27	62	-1.20299	5	20	-1.23419
sp|O14523-2|C2C2	C2CD2L	0	4	-1.20681	0	1	-0.821195
sp|Q8WUH6|CL02	C12orf23	11	7	-1.20884	7	2	0.0923222
sp|Q99623|PHB2_	PHB2	10	16	-1.21768	4	5	-1.28426
sp|O95490-6|LPHN	LPHN2	0	7	-1.21852	0	2	-1.29907
sp|P22307|NLTP_H	SCP2	15	28	-1.22304	6	20	-1.28422
sp|P51159|RB27A_	RAB27A	6	10	-1.22311	2	4	-1.27957
sp|P51553|IDH3G_	IDH3G	1	3	-1.22722	0	2	1.64948
sp|O60613|SEP15_	15-Sep	2	9	-1.2295	3	3	-1.0727
sp|Q9HCP0|KC1G1	CSNK1G1	0	1	-1.22965	0	1	-1.1208
sp|Q9UBR5|CKLF_	CKLF	0	3	-1.23376	0	1	-1.17944
sp|O95299|NDUAA	NDUFA10	3	7	-1.23647	2	5	-1.15309
sp|P63010-2|AP2B	AP2B1	32	106	-1.23832	12	60	-1.34836
sp|P00505|AATM_	GOT2	16	35	-1.23931	11	16	-1.44686
sp|Q9H7Z7|PGES2_	PTGES2	11	23	-1.24033	3	9	-1.74802
sp|Q8TCT8|SPP2A_	SPPL2A	1	14	-1.24291	1	7	-0.237699
sp|Q14571|ITPR2_	ITPR2	11	24	-1.24606	1	3	-1.07545

sp|Q8IWT6|LRC8A_	LRRC8A	5	39	-1.24648	1	19	-1.11878
sp|P22830-2|HEM	FECH	3	9	-1.24825	2	4	-1.22032
sp|P60660-2|MYL6	MYL6	16	45	-1.24889	5	6	-1.44672
sp|Q13217|DNJC3_	DNAJC3	5	18	-1.25179	0	4	-1.36234
sp|Q9H5I5-4|PIEZ2	PIEZO2	2	19	-1.25202	0	5	-1.00713
sp|Q16698|DECR_	DECR1	7	6	-1.25447	2	1	-0.765514
sp|Q13492|PICAL_	PICALM	8	25	-1.25667	2	18	-1.14923
sp|P18085|ARF4_H	ARF4	20	19	-1.25727	4	3	-1.19091
sp|P54886|P5CS_H	ALDH18A1	16	19	-1.25752	10	8	-0.998239
sp|P23786|CPT2_H	CPT2	9	13	-1.26065	1	8	-0.823331
sp|O00159|MYO1C	MYO1C	26	89	-1.26157	3	25	-1.35134
sp|Q09666|AHNK_	AHNAK	600	2005	-1.26177	308	1053	-1.27442
sp|P62072|TIM10_	TIMM10	7	7	-1.26306	1	5	-1.30038
sp|Q8IXI1|MIRO2_	RHOT2	3	5	-1.26368	1	3	-1.49599
sp|P82663|RT25_H	MRPS25	4	10	-1.26375	3	4	-1.67417
tr|H3BQK9|H3BQK	MACF1	82	234	-1.26664	30	64	-1.19617
sp|Q92747|ARC1A	ARPC1A	2	4	-1.27201	1	2	-0.681105
sp|P35222|CTNB1_	CTNNB1	7	40	-1.27231	6	24	-1.26837
sp|Q9BRT2|UQCC2	UQCC2	2	2	-1.27336	0	2	-1.42537
sp|Q9UL25|RAB21	RAB21	3	14	-1.2754	2	4	-0.896212
sp|Q9H223|EHD4_	EHD4	8	18	-1.27637	2	15	-1.24139
sp|Q6ZXV5|TMTC3	TMTC3	1	19	-1.27659	0	7	-0.888062
sp|P30405|PPIF_H	PPIF	4	7	-1.27916	3	7	-1.85245
sp|P42892|ECE1_H	ECE1	14	75	-1.28515	6	37	-1.22069
sp|Q96Q11|TRNT1	TRNT1	9	8	-1.28622	5	6	-1.33316
sp|P46821|MAP1B	MAP1B	140	221	-1.28725	111	122	-1.11795
sp|Q9Y2Q3-2|GST	GSTK1	12	32	-1.28737	7	12	-1.38998
sp|O95470|SGPL1_	SGPL1	4	13	-1.2876	1	8	-1.27415
sp|Q6YHK3|CD109	CD109	0	18	-1.28773	0	4	-1.42355
sp|Q9H4M9|EHD1	EHD1	15	42	-1.28783	9	18	-1.17774
sp|P46939|UTRO_	UTRN	55	206	-1.28817	14	66	-1.30451
sp|Q9H2U2-2|IPYR	PPA2	22	24	-1.28988	15	9	-1.0294
sp|P30042|ES1_HU	C21orf33	9	10	-1.29011	3	4	-1.84076
sp|P53680|AP2S1_	AP2S1	0	15	-1.29198	0	4	-1.2406
sp|Q9UEY8|ADDG_	ADD3	3	2	-1.29225	1	2	-0.566427
sp|P36957|ODO2_	DLST	19	38	-1.29225	15	19	-1.29256
sp|P11498|PYC_H	PC	26	27	-1.29902	6	12	-1.4033
sp|Q9NWM8|FKB1	FKBP14	4	10	-1.30029	0	4	-1.15259
sp|O15439|MRP4_	ABCC4	2	79	-1.30086	0	20	-1.20061
sp|Q96AC1-3|FER	FERMT2	25	95	-1.30307	8	56	-1.40391
sp|P19367-3|HXK1	HK1	16	17	-1.30413	1	4	-1.39812
sp|Q07021|C1QBP	C1QBP	27	36	-1.30537	12	35	-1.20875
sp|P03928|ATP8_H	MT-ATP8	8	8	-1.30877	2	8	-1.68078
sp|Q15942|ZYX_H	ZYX	17	45	-1.30972	16	21	-1.36338
sp|Q9Y490|TLN1_	TLN1	116	245	-1.311	73	179	-1.1083

sp|Q969Z0|TBRG4_	TBRG4	6	7	-1.31263	4	3	-2.09524
sp|P00387-3|NB5R	CYB5R3	17	43	-1.31298	7	21	-1.24792
sp|Q8WUM9|S20A	SLC20A1	0	8	-1.31435	0	3	-0.778879
sp|Q9UBP9|GULP1_	GULP1	3	25	-1.31487	0	8	-1.34457
sp|P12694|ODBA_	BCKDHA	3	8	-1.31794	0	1	-1.37748
sp|O95831|AIFM1_	AIFM1	19	47	-1.31794	10	21	-1.42307
sp|Q9BPW8|NIPS1_	NIPSNAP1	7	14	-1.32074	6	10	-0.805351
sp|O14907|TX1B3_	TAX1BP3	2	4	-1.32358	3	2	-1.54659
sp|Q9BUV8-5|CT02	C20orf24	0	5	-1.32485	0	1	-1.19865
sp|Q92930|RAB8B_	RAB8B	0	13	-1.32988	0	1	-1.60353
sp|Q86W92|LIPB1_	PPFIBP1	22	37	-1.33361	4	14	-0.691456
sp|Q96DB5|RMD1_	RMDN1	6	15	-1.33686	0	4	-1.97483
sp|Q96JJ7|TMX3_H	TMX3	14	32	-1.33727	5	18	-1.31655
sp|P15260|INGR1_	IFNGR1	0	4	-1.34102	0	1	-0.935266
sp|O75923-13|DYS	DYSF	3	9	-1.34234	1	5	-1.4577
sp|Q5T653|RM02_	MRPL2	2	3	-1.34759	1	2	-1.78406
sp|P51398|RT29_H	DAP3	4	9	-1.35127	2	2	1.07702
sp|O95782|AP2A1_	AP2A1	9	30	-1.35137	0	11	-1.42212
sp|Q9Y3D9|RT23_	MRPS23	9	10	-1.35325	4	8	-1.31065
sp|Q8NDI1|EHBP1_	EHBP1	3	8	-1.3537	2	4	-1.94752
sp|P09493-6|TPM1	TPM1	16	21	-1.35488	6	3	-1.864
sp|Q96AQ6|PBIP1_	PBXIP1	4	13	-1.3571	0	4	-0.95724
sp|P09669|COX6C_	COX6C	4	11	-1.35907	2	1	-1.39121
sp|P50454|SERPH_	SERPINH1	35	120	-1.36063	17	63	-1.42473
sp|O15382|BCAT2_	BCAT2	6	10	-1.36252	3	4	-1.70117
sp|Q9BUR5|APOO_	APOO	2	4	-1.36313	1	3	-1.28648
sp|O00469-2|PLOD	PLOD2	29	77	-1.3641	7	31	-1.3509
sp|P21912|DHSB_	SDHB	8	10	-1.36564	8	5	-1.47912
sp|Q16718|NDUA5	NDUFA5	6	13	-1.36643	6	5	-1.55753
sp|P49914|MTHFS_	MTHFS	2	1	-1.36798	0	2	-0.648402
sp|P51659-2|DHB4	HSD17B4	24	69	-1.3683	11	30	-1.1924
sp|Q9NP72-2|RAB1	RAB18	3	9	-1.3698	5	4	-1.18544
sp|Q8IY22|CMIP_H	CMIP	1	3	-1.3795	0	2	-1.39477
sp|P05141|ADT2_	SLC25A5	11	38	-1.38021	8	19	-1.71406
sp|Q9UQE7|SMC3_	SMC3	71	22	-1.38167	10	3	-0.971249
sp|Q8N3D4|EH1L1_	EHBP1L1	7	36	-1.384	9	17	-1.37206
sp|P35221|CTNA1_	CTNNA1	29	101	-1.38618	9	66	-1.48503
sp|P49411|EFTU_H	TUFM	25	65	-1.38793	14	30	-1.5971
sp|Q7KYR7-1|BT2A	BTN2A1	0	8	-1.39192	0	4	-1.53706
sp|Q9BQ52|RNZ2_	ELAC2	8	3	-1.39419	1	2	-1.74545
sp|Q9BWH2|FUND	FUNDC2	0	6	-1.39466	0	1	-1.70674
sp|P60033|CD81_	CD81	2	9	-1.39776	0	3	-1.19063
sp|Q9H0A0|NAT10	NAT10	26	2	-1.40104	4	2	-0.395232
sp|P48426|PI42A_	PIP4K2A	0	10	-1.40148	0	1	-1.27605
sp|O00161|SNP23_	SNAP23	11	37	-1.4016	4	21	-1.43881

sp|Q6P1L8|RM14_	MRPL14	3	4	-1.4052	1	3	-2.04562
sp|Q5T9L3-2|WLS_	WLS	1	8	-1.40924	0	2	-1.56945
sp|Q9UII2|ATIF1_H	ATPIF1	2	2	-1.41178	1	2	-1.56777
sp|P21796|VDAC1_	VDAC1	54	127	-1.41396	39	110	-1.52275
sp|Q7Z434|MAVS_	MAVS	4	5	-1.41425	1	2	-0.986523
sp|P26232|CTNA2_	CTNNA2	2	11	-1.41518	2	10	-1.10971
sp|Q63ZY3-2|KANK	KANK2	4	22	-1.41702	2	5	-1.45231
tr|H0YGQ3|H0YGQ	MPDZ	1	4	-1.4172	0	1	-0.310205
sp|P23434|GCSH_	GCSH	9	14	-1.42099	13	11	-2.00344
sp|Q86XL3|ANKL2_	ANKLE2	5	6	-1.42946	0	1	-1.30149
sp|O00214-2|LEG8_	LGALS8	0	17	-1.43033	0	3	-1.39372
sp|Q15811|ITSN1_	ITSN1	12	10	-1.43341	3	2	-1.49433
sp|P27144|KAD4_	AK4	7	9	-1.43359	4	5	-1.61315
sp|Q15388|TOM20	TOMM20	1	5	-1.43506	1	2	0
sp|O60716|CTND1_	CTNND1	20	85	-1.44225	7	44	-1.44417
sp|O14950|ML12B_	MYL12B	16	47	-1.45081	5	16	-1.47957
sp|Q8TAD7|OCC1_	OCC1	0	9	-1.45182	0	4	-1.78026
sp|Q9NVV4|PAPD1	MTPAP	2	7	-1.45391	0	3	-1.88695
sp|O43570|CAH12_	CA12	0	5	-1.45459	0	3	-1.45411
sp|P08962|CD63_	CD63	14	47	-1.45681	4	20	-1.25284
sp|Q9P032|NDUF4_	NDUFAF4	4	13	-1.4589	3	3	-1.78151
sp|P12236|ADT3_	SLC25A6	13	31	-1.45935	6	18	-1.83706
sp|Q05682|CALD1_	CALD1	38	136	-1.46057	18	59	-1.44374
sp|Q9NXU5|ARL15_	ARL15	0	4	-1.4617	0	1	-1.75123
sp|P31930|QCR1_	UQCRC1	8	16	-1.46346	3	5	-1.67011
sp|Q16270|IBP7_H	IGFBP7	5	13	-1.46466	1	1	-1.15476
sp|P13073|COX41_	COX4I1	12	26	-1.46747	6	5	-1.60887
sp|Q9P265|DIP2B_	DIP2B	9	27	-1.46763	3	10	-1.68322
sp|Q5JTJ3-2|COA6_	COA6	2	4	-1.46803	2	3	-1.85136
sp|P15144|AMPN_	ANPEP	6	43	-1.4732	1	17	-1.26631
sp|Q6Y288|B3GLT_	B3GALTL	0	3	-1.4739	0	2	-1.6208
sp|Q02978|M2OM_	SLC25A11	3	17	-1.47423	1	5	-1.66208
sp|P38117-2|ETFB_	ETFB	11	24	-1.47518	5	9	-1.79985
sp|O60313-2|OPA1	OPA1	30	43	-1.47593	8	18	-1.44486
sp|P20674|COX5A_	COX5A	5	12	-1.48021	7	5	-1.70371
sp|Q8NBS9|TXND5_	TXNDC5	7	20	-1.48024	1	3	-1.59648
sp|Q16540|RM23_	MRPL23	2	4	-1.48359	2	2	-1.54171
sp|P10586|PTPRF_	PTPRF	0	9	-1.48463	0	2	-0.851798
sp|Q9Y2R5|RT17_	MRPS17	3	5	-1.48664	0	1	-1.65071
sp|P01024|CO3_H	C3	0	9	-1.48671	0	2	-1.004
sp|P19022|CADH2_	CDH2	5	42	-1.48673	1	24	-1.63658
sp|Q9NZM1|MYOF_	MYOF	98	355	-1.48721	53	218	-1.44776
sp|Q92552|RT27_	MRPS27	8	14	-1.48754	0	7	-1.72846
sp|P43121|MUC18_	MCAM	20	86	-1.48814	13	51	-1.42427
sp|Q8N3V7|SYNPO	SYNPO	5	6	-1.48829	1	1	-0.867707

sp|O75962|TRIO_H	TRIO	17	29	-1.48846	4	4	-1.20334
sp|Q99714|HCD2_I	HSD17B10	2	7	-1.49339	1	4	-2.05831
sp|P14927|QCR7_H	UQCRB	11	17	-1.49559	7	4	-1.58518
sp|Q92665|RT31_H	MRPS31	2	8	-1.49794	4	4	-0.663909
sp|P45880-1|VDAC	VDAC2	24	49	-1.49802	14	20	-1.90509
sp|A4D1E9|GTPBA	GTPBP10	3	12	-1.50319	0	2	-1.05722
sp|P48060|GLIP1_H	GLIPR1	0	11	-1.50468	0	2	-1.35266
sp|Q13423|NNTM_	NNT	58	87	-1.50681	19	37	-1.68218
sp|P35579|MYH9_I	MYH9	344	1111	-1.51014	168	609	-1.52418
sp|P53007|TXTP_H	SLC25A1	5	7	-1.51149	2	2	-1.43738
sp|P82650|RT22_H	MRPS22	8	12	-1.5123	2	2	-1.53598
sp|Q14195-2|DPYL	DPYSL3	31	35	-1.51893	13	8	-1.02486
sp|Q8N983|RM43_	MRPL43	5	5	-1.52188	1	1	-1.62598
sp|Q9H857|NT5D2	NT5DC2	0	2	-1.52288	1	1	0
sp|P57737-3|CORO	CORO7	3	2	-1.52289	1	1	-1.29111
sp|P25705|ATPA_H	ATP5A1	27	64	-1.52853	23	29	-1.85773
sp|Q9NVS2-2|RT18	MRPS18A	4	3	-1.52981	0	1	-1.83358
sp|Q9Y6R1-5|S4A4	SLC4A4	0	2	-1.53344	0	2	-0.868979
sp|Q8IYB8|SUV3_H	SUPV3L1	2	6	-1.53503	1	1	-1.69865
sp|P18859-2|ATP5J	ATP5J	5	9	-1.53578	4	5	-1.95507
sp|Q9H845|ACAD9	ACAD9	6	15	-1.53907	3	7	-1.28427
sp|O00483|NDUA4	NDUFA4	6	7	-1.53946	1	3	-1.56295
sp|P82914|RT15_H	MRPS15	3	9	-1.53977	1	6	-1.54713
sp|P43304|GPDM_	GPD2	11	31	-1.54045	2	11	-1.27532
sp|P38571|LICH_HI	LIPA	0	5	-1.5426	0	2	-0.676777
sp|Q96EY1|DNJA3_	DNAJA3	7	14	-1.54491	4	3	-1.65098
sp|P82664|RT10_H	MRPS10	8	12	-1.54766	2	6	-1.94564
sp|P27105|STOM_I	STOM	8	47	-1.54854	1	19	-1.3324
sp|P99999|CYC_HU	CYCS	12	15	-1.54857	8	7	-1.54182
sp|P13804|ETFA_H	ETFA	18	36	-1.55524	12	12	-1.20639
sp|P34897|GLYM_H	SHMT2	14	31	-1.55564	5	13	-1.32454
sp|P01130|LDLR_H	LDLR	2	16	-1.55718	1	6	-1.38143
sp|Q9BW72|HIG2A	HIGD2A	2	3	-1.55757	1	2	-0.839978
sp|P56181-2|NDUV	NDUFV3	5	11	-1.5577	6	11	-1.29531
sp|P22695|QCR2_H	UQCRC2	12	18	-1.56495	11	8	-1.37453
sp|O43674|NDUB5	NDUFB5	0	3	-1.56533	3	1	-1.0352
sp|Q9NX14-2|NDU	NDUFB11	3	5	-1.56694	2	4	-1.37018
sp|Q13637|RAB32_	RAB32	9	26	-1.56743	7	7	-1.52289
sp|Q96GC5|RM48_	MRPL48	2	8	-1.56757	3	3	-1.52667
sp|Q6V0I7|FAT4_H	FAT4	0	7	-1.56863	0	3	-2.50436
sp|Q00325|MPCP_	SLC25A3	17	37	-1.57055	8	14	-1.99059
sp|Q99798|ACON_	ACO2	51	64	-1.57319	16	30	-1.32589
sp|Q9NSE4|SYIM_H	IARS2	26	42	-1.57677	12	14	-1.68879
sp|O75947|ATP5H_	ATP5H	14	29	-1.57764	4	13	-1.71715
sp|Q8IVF2|AHNK2_	AHNAK2	128	211	-1.57905	53	86	-1.66492

sp|P24539|AT5F1_	ATP5F1	11	25	-1.58174	5	6	-1.8497
sp|P11177|ODPB_	PDHB	15	22	-1.58411	7	14	-1.88171
sp|Q9NX63|CHCH3	CHCHD3	4	17	-1.58446	9	13	-2.07732
sp|Q99439|CNN2_	CNN2	14	20	-1.58691	11	8	-1.54068
sp|O14561|ACPM_	NDUFAB1	2	6	-1.58824	3	5	-1.97191
sp|P35749-2|MYH1	MYH11	35	75	-1.5887	17	45	-1.42487
sp|P51636|CAV2_	CAV2	4	10	-1.59016	0	4	-1.88042
sp|O75964|ATP5L_	ATP5L	7	14	-1.59189	6	6	-1.91113
sp|Q8NCN5|PDPR_	PDPR	5	7	-1.59935	0	5	-1.06647
sp|O95164|UBL3_	UBL3	0	6	-1.59943	0	2	-1.93678
sp|Q68CZ2|TENS3_	TNS3	19	28	-1.60155	3	7	-1.09197
sp|P36776|LONM_	LONP1	19	37	-1.6021	11	28	-1.70032
sp|Q9H078|CLPB_	CLPB	1	4	-1.60265	0	1	-1.78825
sp|P11310-2|ACAD	ACADM	13	22	-1.60314	9	5	-1.38486
sp|O00330|ODPX_	PDHX	3	12	-1.60427	1	5	-1.8349
sp|Q9Y6C9|MTCH2	MTCH2	9	17	-1.60517	1	2	-2.36313
sp|Q9BZE1|RM37_	MRPL37	7	10	-1.60995	2	3	-0.485016
sp|P10809|CH60_	HSPD1	168	427	-1.61009	119	259	-1.581
sp|P61587|RND3_	RND3	0	8	-1.61047	0	1	-1.5718
sp|P43897|EFTS_H	TSFM	10	17	-1.61346	4	7	-1.65347
sp|Q96A26|F162A_	FAM162A	9	10	-1.61385	3	3	-1.45063
sp|Q8NCG7|DGLB_	DAGLB	0	2	-1.61395	0	1	-0.611097
sp|Q6UXV4|APOOL	APOOL	17	22	-1.61748	6	6	-1.77662
sp|P22033|MUTA_	MUT	1	17	-1.61749	1	7	-1.8898
sp|Q9NZM3|ITSN2_	ITSN2	1	20	-1.61941	0	3	-1.25341
sp|Q8N183|MIMIT_	NDUFAF2	9	22	-1.62014	0	4	-1.56619
sp|P10515|ODP2_	DLAT	13	25	-1.62034	7	8	-1.83452
sp|Q8TDX7|NEK7_	NEK7	5	2	-1.62549	1	3	-2.00799
sp|Q02218|ODO1_	OGDH	18	38	-1.62869	9	8	-1.5295
sp|O75390|CISY_H	CS	14	26	-1.63057	1	11	-2.04395
sp|Q04837|SSBP_H	SSBP1	9	14	-1.63389	8	5	-1.68867
sp|Q96CS3|FAF2_H	FAF2	1	5	-1.63865	1	3	-1.46576
sp|Q4U2R6|RM51_	MRPL51	0	9	-1.63927	0	2	-1.19978
sp|P30048|PRDX3_	PRDX3	5	21	-1.63958	9	8	-2.02303
sp|P04181|OAT_H	OAT	11	18	-1.6447	4	8	-1.45778
sp|P07355-2|ANXA	ANXA2	61	183	-1.6454	42	106	-1.61226
sp|Q9BYD2|RM09_	MRPL9	4	10	-1.64608	3	4	-2.31791
sp|P42704|LPPRC_	LRPPRC	79	155	-1.64625	27	79	-1.568
sp|Q9NZN4|EHD2_	EHD2	8	41	-1.64965	3	23	-1.71871
sp|O96008|TOM40	TOMM40	9	25	-1.65116	4	9	-1.68755
sp|P49748-3|ACAD	ACADVL	24	43	-1.65661	11	20	-1.43466
sp|Q9BYD1|RM13_	MRPL13	1	8	-1.65683	1	1	0
sp|Q5M775|CYTSB	SPECC1	14	61	-1.65975	3	37	-1.69475
sp|P50552|VASP_H	VASP	5	7	-1.66095	0	2	-1.18986
sp|Q9NX40|OCAD1	OCIAD1	3	6	-1.66108	1	3	-1.47418

sp|Q9BRQ8|AIFM2_	AIFM2	0	9	-1.66161	0	6	-0.915431
sp|P82673|RT35_H	MRPS35	5	10	-1.6617	1	4	-1.6878
sp|Q9BQ95|ECSIT_	ECSIT	2	3	-1.66193	0	1	-1.29809
sp|Q9Y4W6|AFG32	AFG3L2	8	22	-1.66276	1	10	-1.60875
sp|P06576|ATPB_H	ATP5B	47	103	-1.66393	29	58	-1.6466
sp|P50213|IDH3A_	IDH3A	11	30	-1.66688	10	15	-1.76265
sp|O94826|TOM70	TOMM70A	6	23	-1.67249	0	4	-1.64702
sp|Q13813-3|SPTN	SPTAN1	0	2	-1.6725	0	2	-0.851499
sp|P40926|MDHM_	MDH2	40	50	-1.6741	11	16	-1.70178
sp|O75431|MTX2_	MTX2	4	3	-1.67689	3	5	-1.95286
sp|Q9Y653|GPR56_	GPR56	0	10	-1.67919	0	1	-0.519091
sp|Q7Z7H8-2|RM1	MRPL10	4	8	-1.68145	2	4	-2.16144
sp|Q8IXM3|RM41_	MRPL41	7	13	-1.68487	3	4	-1.57757
sp|Q96RP9-2|EFG	GFM1	19	35	-1.68616	10	16	-1.71548
sp|P00367|DHE3_	GLUD1	18	36	-1.68863	8	24	-1.88011
sp|Q8TCS8|PNPT1_	PNPT1	13	43	-1.68904	8	17	-1.51005
sp|Q9H9B4|SFXN1_	SFXN1	6	12	-1.69057	10	10	-1.34601
sp|Q9HD33|RM47_	MRPL47	7	12	-1.69091	2	2	-1.89156
sp|O75616|ERAL1_	ERAL1	6	10	-1.69117	2	4	-2.08243
sp|P38646|GRP75_	HSPA9	87	228	-1.69401	64	132	-1.73193
sp|Q9Y2R9|RT07_	MRPS7	8	13	-1.69445	1	7	-1.68344
sp|Q15404|RSU1_	RSU1	13	28	-1.69768	3	12	-1.92314
sp|Q969G5|PRDBP_	PRKCDBP	4	7	-1.69807	0	5	-2.15945
sp|Q6EMK4|VASN_	VASN	2	11	-1.69952	0	3	-1.69891
sp|Q96E11|RRFM_	MRRF	7	11	-1.7065	2	10	-1.61392
sp|Q92667|AKAP1_	AKAP1	9	8	-1.71133	2	3	-1.07913
sp|Q9Y5L4|TIM13_	TIMM13	4	8	-1.7143	1	1	-1.73294
sp|Q6UB35|C1TM_	MTHFD1L	34	40	-1.72522	10	16	-1.77374
sp|Q9BRJ2|RM45_	MRPL45	10	11	-1.7254	5	8	-1.86275
sp|Q6NVY1|HIBCH_	HIBCH	11	18	-1.72768	7	11	-1.56931
sp|Q9Y305-4|ACOT	ACOT9	7	16	-1.72807	0	2	-1.58471
sp|P36542|ATPG_	ATP5C1	18	36	-1.73244	6	13	-1.52694
sp|Q8WWC4|CB04	C2orf47	4	10	-1.73754	3	3	-1.83526
sp|O95202|LETM1_	LETM1	29	68	-1.73786	16	32	-1.72175
sp|P13995|MTDC_	MTHFD2	6	13	-1.74118	4	5	-1.46387
sp|Q6YN16|HSDL2_	HSDL2	14	31	-1.74121	7	22	-1.55978
sp|Q12849|GRSF1_	GRSF1	11	11	-1.74318	6	10	-1.7098
sp|P16035|TIMP2_	TIMP2	1	4	-1.74793	1	3	-1.82782
sp|Q9Y3B7|RM11_	MRPL11	4	9	-1.74945	0	2	-1.94418
sp|Q9UHQ4-2|BAP	BCAP29	0	2	-1.74947	0	3	-0.993665
sp|Q9GZT3|SLIRP_	SLIRP	1	6	-1.75548	0	2	-2.19086
sp|Q14764|MVP_H	MVP	19	29	-1.75634	1	5	-2.02963
sp|Q6Y1H2|HACD2_	PTPLB	0	3	-1.76263	0	2	-1.09793
sp|Q13084|RM28_	MRPL28	1	5	-1.76631	2	3	-1.68441
sp|Q56VL3|OCAD2_	OCIAD2	2	4	-1.76906	2	2	-2.14352

sp|Q6NZI2|PTRF_H	PTRF	13	44	-1.76949	9	37	-1.61817
sp|O43615|TIM44_	TIMM44	10	25	-1.77306	6	9	-1.67154
sp|P08559-4|ODPA	PDHA1	11	16	-1.77632	1	4	-1.83449
sp|Q8N5N7|RM50_	MRPL50	5	3	-1.77759	0	1	-1.83284
sp|Q96TC7|RMD3_	RMDN3	1	3	-1.78103	1	1	-1.45039
sp|P61604|CH10_H	HSPE1	23	64	-1.78294	16	43	-1.90212
sp|P55809|SCOT1_	OXCT1	30	50	-1.78536	16	21	-1.21144
sp|Q96I99|SUCB2_	SUCLG2	16	33	-1.78721	9	9	-1.5992
sp|Q9NR28|DBLOH	DIABLO	5	9	-1.7924	2	4	0
sp|P33316|DUT_HU	DUT	3	6	-1.79527	4	5	-1.94049
sp|P30837|AL1B1_	ALDH1B1	14	36	-1.79688	14	18	-2.02618
sp|Q9NQ50|RM40_	MRPL40	4	6	-1.80254	0	1	-1.41477
sp|P09001|RM03_H	MRPL3	10	12	-1.80593	3	4	-1.446
sp|Q7L0Y3|MRRP1_	TRMT10C	9	20	-1.80629	1	6	-1.87187
sp|O94925-3|GLSK_	GLS	1	2	-1.80658	1	1	-1.66092
sp|Q9Y4D1|DAAM1	DAAM1	3	18	-1.80677	0	4	1.50253
sp|Q9Y2D4|EXC6B_	EXOC6B	0	4	-1.80933	0	1	-1.34659
sp|Q9UHQ9|NB5R1	CYB5R1	9	27	-1.80963	3	3	-1.58121
sp|P48047|ATPO_H	ATP5O	7	20	-1.81247	7	16	-1.97162
tr|H0Y5C6|H0Y5C6_	FLNA	3	10	-1.81476	2	3	-1.8312
sp|P52815|RM12_H	MRPL12	11	16	-1.82027	9	9	-1.79098
sp|Q96EY7|PTCD3_	PTCD3	3	7	-1.82246	2	3	-1.43904
sp|Q9HBI1|PARVB_	PARVB	2	9	-1.82323	0	3	-1.50328
sp|O75880|SCO1_H	SCO1	1	6	-1.82379	3	2	-1.71804
sp|Q9Y512|SAM50_	SAMM50	6	6	-1.8277	0	5	-2.4856
sp|Q9NP92|RT30_H	MRPS30	2	9	-1.83195	0	2	-1.93603
sp|Q9BYC8|RM32_	MRPL32	3	4	-1.83451	0	4	-1.44387
sp|Q96A35|RM24_	MRPL24	4	6	-1.83563	0	3	-1.54433
sp|Q16891|IMMT_	IMMT	54	62	-1.83628	15	31	-1.73158
sp|O75746|CMC1_	SLC25A12	5	13	-1.83761	0	6	-1.65321
sp|Q7Z2W9|RM21_	MRPL21	4	5	-1.8425	2	2	-1.67748
sp|Q9NS69|TOM22	TOMM22	3	8	-1.84842	1	4	-1.18826
sp|Q9HC36|RMTL1_	RNMTL1	0	1	-1.85192	0	1	-1.50939
sp|P82675|RT05_H	MRPS5	2	6	-1.85305	1	2	-0.936908
sp|Q16134|ETFD_H	ETFDH	0	3	-1.86555	0	1	-1.18586
sp|Q03135|CAV1_H	CAV1	12	52	-1.86982	3	23	-1.78579
sp|Q96DV4|RM38_	MRPL38	0	2	-1.87307	1	1	-1.75514
tr|E9PIE4|E9PIE4_H	MTCH2	2	1	-1.87757	0	1	-1.6555
sp|Q53H12|AGK_H	AGK	5	12	-1.87962	2	2	-1.76054
sp|Q9BSH4|TACO1_	TACO1	2	3	-1.8824	0	3	-2.69599
sp|Q9P2R7|SUCB1_	SUCLA2	10	18	-1.88603	1	7	-2.2009
sp|O00411|RPOM_	POLRMT	3	6	-1.88606	1	3	-2.00263
sp|P30084|ECHM_H	ECHS1	16	32	-1.88616	13	27	-2.09406
sp|P08648|ITA5_HU	ITGA5	11	61	-1.89265	3	28	-1.88708
sp|Q9NWU5|RM22	MRPL22	2	6	-1.89294	0	2	-1.63014

sp|Q13405|RM49_	MRPL49	4	8	-1.89687	5	6	-1.64956
sp|Q5T9A4|ATD3B	ATAD3B	10	22	-1.89927	2	7	-2.33988
sp|Q9UJS0-2|CMC	SLC25A13	10	17	-1.90017	6	10	-1.93134
sp|Q8IXL7|MSRB3_	MSRB3	1	6	-1.90141	0	1	-1.80687
sp|P60903|S10AA_	S100A10	5	9	-1.90291	1	2	-1.97383
sp|Q9BVV7|TIM21	TIMM21	3	4	-1.91218	1	1	-2.09318
sp|P13598|ICAM2_	ICAM2	0	2	-1.91448	0	1	0.0397939
sp|O14548|COX7R	COX7A2L	6	13	-1.91864	2	6	-1.9202
sp|P49590|SYHM_	HARS2	6	7	-1.92133	1	6	-1.71977
sp|Q9NX20|RM16_	MRPL16	7	10	-1.92675	2	6	-1.68946
sp|Q9BYN8|RT26_	MRPS26	2	3	-1.92745	1	1	-1.35765
sp|Q14197|ICT1_H	ICT1	1	8	-1.93074	1	3	-1.69556
sp|A3KMH1|VWA8	VWA8	15	15	-1.93245	1	3	-1.04711
sp|Q9H4G4|GAPR1	GLIPR2	3	19	-1.93593	1	3	-1.90854
sp|Q9BQP7|MGME	MGME1	4	3	-1.93684	0	1	-1.92452
sp|Q6NUK1|SCMC	SLC25A24	14	35	-1.93822	5	13	-1.93715
sp|P23368|MAOM	ME2	3	13	-1.94681	3	3	-0.838448
sp|P17405|ASM_H	SMPD1	0	1	-1.94938	0	1	-1.52978
sp|Q96RD7|PANX1	PANX1	1	22	-1.95236	0	17	-1.40794
sp|P05166-2|PCCB	PCCB	4	7	-1.96398	3	4	-0.865912
sp|P11182|ODB2_	DBT	7	14	-1.97249	3	3	-1.39429
sp|P55084|ECHB_	HADHB	21	37	-1.97335	7	21	-2.08384
sp|P09622|DLDH_	DLD	16	33	-1.98191	9	17	-1.94346
sp|Q8N4Q1-2|MIA	CHCHD4	6	9	-1.98383	4	4	-1.64685
sp|Q15012|LAP4A_	LAPTM4A	0	7	-1.98447	0	2	-1.70349
sp|Q9UGM6|SYW	WARS2	0	3	-1.98627	0	2	-1.00411
sp|P53597|SUCA_	SUCLG1	8	10	-1.98812	4	2	-1.49232
sp|P20908|CO5A1_	COL5A1	9	27	-2.00699	2	4	-1.70928
sp|P40939|ECHA_	HADHA	33	101	-2.01157	23	43	-1.75797
sp|Q04721|NOTC2	NOTCH2	3	25	-2.01952	0	8	-1.67722
sp|O43854|EDIL3_	EDIL3	12	65	-2.02289	6	28	-1.89966
sp|Q13418|ILK_HU	ILK	8	28	-2.03479	4	8	-1.93142
sp|Q16740|CLPP_	CLPP	5	9	-2.03555	3	3	-1.97583
sp|Q9BYD6|RM01_	MRPL1	9	7	-2.03718	4	9	-1.97004
sp|P50416|CPT1A_	CPT1A	10	26	-2.03831	0	8	-2.048
sp|Q99757|THIOM	TXN2	1	3	-2.04402	2	1	-2.23002
sp|Q9P015|RM15_	MRPL15	6	8	-2.04739	5	2	-2.50668
sp|O76031|CLPX_	CLPX	15	23	-2.05255	1	9	-1.80944
sp|Q9HAV7|GRPE1	GRPEL1	10	23	-2.05302	4	9	-2.07259
sp|P55290-4|CAD1	CDH13	1	12	-2.05315	0	2	-2.03972
sp|Q16891-2|IMM	IMMT	4	3	-2.05357	5	3	-1.91599
sp|Q9NVD7|PARVA	PARVA	9	19	-2.05723	0	15	-1.85283
sp|Q9H2W6|RM46	MRPL46	11	11	-2.06949	1	11	-1.74069
sp|Q07954|LRP1_	LRP1	5	33	-2.07716	1	8	-2.38708
sp|Q9HA77|SYCM_	CARS2	4	5	-2.08056	2	4	-1.93821

sp|Q8NE86|MCU_	MCU	6	10	-2.08139	2	1	-2.63136
sp|O43837|IDH3B_	IDH3B	5	9	-2.08666	2	1	-2.05578
sp|P07203|GPX1_	GPX1	0	2	-2.09311	1	2	-1.85787
sp|Q9Y2Z4|SYYM_	YARS2	9	6	-2.09383	1	2	-2.03817
sp|Q92604|LGAT1_	LPGAT1	1	9	-2.09813	0	3	-1.52126
sp|Q10713|MPPA_	PMPCA	9	13	-2.10717	2	7	-2.02175
sp|Q8IVS2|FABD_H	MCAT	1	3	-2.11459	1	1	-1.82749
sp|Q6P587-3|FAHD	FAHD1	3	3	-2.12646	1	3	-2.13464
sp|Q9Y2S7|PDIP2_	POLDIP2	1	3	-2.13207	0	2	-1.95
sp|Q9H061|T126A_	TMEM126A	5	3	-2.13718	0	1	-1.95775
sp|Q99653|CHP1_	CHP1	1	7	-2.16391	0	2	-2.03067
sp|Q9H3K2|GHITM	GHITM	6	15	-2.1911	2	4	-2.49811
sp|Q96ND0|F210A_	FAM210A	4	9	-2.20333	2	3	-2.11984
sp|Q9HD34|LYRM4	LYRM4	3	3	-2.20428	2	1	-2.76122
sp|Q8NBU5|ATAD1	ATAD1	0	2	-2.21084	1	3	-1.71529
sp|Q9UHB6-4|LIM	LIMA1	31	90	-2.22971	5	39	-2.34349
sp|Q9NUJ1|ABHDA	ABHD10	4	10	-2.24619	1	5	-2.26815
sp|P50443|S26A2_	SLC26A2	2	11	-2.24982	0	5	-3.21448
sp|Q9NTX5|ECHD1	ECHDC1	9	5	-2.25592	0	1	-1.97386
sp|Q14315|FLNC_	FLNC	95	130	-2.27439	31	35	-1.71174
sp|Q969S9|RRF2M	GFM2	0	6	-2.28571	0	1	-1.54033
sp|Q8WW59|SPRY	SPRYD4	3	6	-2.2905	0	1	-1.15604
sp|Q9BWM7|SFXN	SFXN3	3	3	-2.30041	3	5	-1.46847
sp|Q9Y6N5|SQRD_	SQRDL	11	20	-2.31412	5	10	-2.79114
sp|Q5T160|SYRM_	RARS2	1	1	-2.31713	0	1	-1.60346
sp|O75439|MPPB_	PMPCB	2	7	-2.33235	2	4	-1.88535
sp|Q9UMS0|NFU1_	NFU1	3	7	-2.33799	0	4	-2.18233
sp|P42765|THIM_	ACAA2	12	25	-2.3388	6	21	-2.13773
sp|P29317|EPHA2_	EPHA2	6	45	-2.36442	3	24	-2.08753
sp|Q9NZJ7|MTCH1	MTCH1	9	14	-2.38046	4	3	-2.19395
sp|Q12884|SEPR_H	FAP	0	2	-2.3867	0	4	-2.37618
sp|Q9ULG6-5|CCP	CCPG1	9	38	-2.39184	1	15	-2.094
sp|Q5JRX3-2|PREP_	PITRM1	24	30	-2.44116	4	3	-2.13287
sp|Q86VP1|TAXB1_	TAX1BP1	6	12	-2.44907	1	4	-2.61604
sp|Q96BW9|TAM4	TAMM41	2	7	-2.46428	1	4	-1.82177
sp|Q8IYU8|MICU2_	MICU2	2	10	-2.47363	0	4	-2.16747
sp|Q9UHB6|LIMA1	LIMA1	2	7	-2.4737	0	7	-1.87858
sp|Q13501|SQSTM	SQSTM1	10	34	-2.50207	6	26	-2.24467
sp|Q15771|RAB30_	RAB30	0	3	-2.504	0	1	-1.84343
sp|Q01995|TAGL_	TAGLN	30	49	-2.50575	13	13	-2.38633
sp|Q6UVK1|CSPG4	CSPG4	0	9	-2.52166	0	1	-2.55884
sp|Q86SJ2|AMGO2	AMIGO2	1	7	-2.57276	1	2	-2.02686
sp|Q6P5Z2|PKN3_	PKN3	6	11	-2.67046	0	2	-0.712572
sp|O94925|GLSK_	GLS	16	25	-2.70578	16	15	-2.82085
sp|Q9UKX5-2|ITA1	ITGA11	7	47	-2.79292	0	17	-2.44015

sp|Q16363|LAMA4	LAMA4	1	7	-2.85902	0	1	-0.484348
sp|P11166|GTR1_H	SLC2A1	13	45	-2.89701	6	25	-2.86003
sp|P13726|TF_HUM	F3	0	15	-2.97307	0	4	-3.56469
sp|Q6PCB8|EMB_H	EMB	0	8	-3.1035	0	2	-3.59717
sp|P07093-3|GDN_	SERPINE2	5	30	-3.10707	0	10	-3.2508
sp|P29323|EPHB2_	EPHB2	0	16	-3.1289	0	6	-2.38288
sp|Q16595|FRDA_H	FXN	5	1	-3.52173	1	1	-1.38311
sp|P29320|EPHA3_	EPHA3	0	8	-3.59752	0	3	-3.25603
sp|P05106|ITB3_HU	ITGB3	3	13	-3.60523	0	8	0
sp|P02751-15|FINC	FN1	10	36	-3.61262	2	8	-3.87336
sp|P21810|PGS1_H	BGN	1	20	-3.62788	0	2	-3.02955
sp|P02452|CO1A1_	COL1A1	5	16	-3.72843	2	8	-2.70019
sp|P04114|APOB_H	APOB	4	26	-4.74689	0	17	-4.52725
sp|Q06033|ITIH3_H	ITIH3	3	21	-5.53719	0	10	-5.05312
sp|P01023|A2MG_	A2M	2	7	-5.6549	0	3	-4.35952
sp|P61916|NPC2_H	NPC2	3	9	-6.11236	3	3	1.31385
sp|P04004|VTNC_H	VTN	2	6	-7.10317	2	3	-5.91617

All filters applied to 2305 protein dataset
16 control-enriched proteins
197 ∆RAP-enriched proteins
Data filtered based on Ex1 log2(H/L) ratio

Protein Id	Gene Symbol	Ex2_WCE_Peptides	Ex1_WCE_Peptides	Ex1 Peptides	Ex1_ratio_heavy_light_max_	Ex 2 Peptides	Ex2_ratio_heavy_light_max_median
sp|P05186|PPB	ALPL	0	20	52	3.07882	6	2.56278
sp|Q01974|RO	ROR2	0	4	4	2.23932	0	1.09542
sp|P14384|CBP	CPM	0	6	17	1.90352	1	1.76738
sp|Q92820|GG	GGH	4	22	51	1.82502	8	1.72739
sp|P07711|CAT	CTSL	1	4	6	1.37153	2	2.47385
sp|P23381|SYW	WARS	12	16	29	1.29051	17	1.18262
sp|P53634|CAT	CTSC	3	7	16	1.28405	5	1.58575
sp|Q99538|LG	LGMN	0	3	11	1.26442	1	1.67979
sp|Q13576|IQG	IQGAP2	9	40	99	1.18586	28	0.994698
sp|Q9UM22|EP	EPDR1	0	2	7	1.18052	0	1.07866
sp|Q14643|ITP	ITPR1	13	28	67	1.16182	34	1.0311
sp|P07686|HEX	HEXB	7	13	54	1.14952	12	1.90771
sp|O00754|MA	MAN2B1	0	8	19	1.11088	2	1.05879
sp|P32929|CGL_	CTH	0	1	6	1.04015	0	1.08189
sp|P08243|ASN	ASNS	14	24	38	1.00694	29	1.01084
sp|P08236|BGL	GUSB	2	22	32	1.003	3	1.15144
sp|O43852-4|C	CALU	2	3	7	-0.999448	3	-1.26134
sp|P50148|GNA	GNAQ	0	5	9	-1.00202	0	-1.07954
sp|P61224|RAP	RAP1B	4	10	11	-1.00296	4	-0.990037
sp|P84157|MX	MXRA7	2	4	5	-1.00507	1	-1.13146
sp|P18031|PTN	PTPN1	3	13	22	-1.01198	8	-1.26589
sp|Q96DM3|MI	C18orf8	0	1	4	-1.01633	0	-0.994527
sp|Q9Y639|NPT	NPTN	0	12	29	-1.01766	4	-1.32591
sp|Q13464|RO	ROCK1	1	23	67	-1.01848	19	-1.00623
sp|Q8NBX0|SC	SCCPDH	1	4	11	-1.02105	4	-1.37982
sp|P04792|HSP	HSPB1	8	10	26	-1.02481	18	-1.13008
sp|Q9P035|HA	PTPLAD1	2	7	27	-1.02987	13	-1.14812
sp|O96005|CLP	CLPTM1	2	10	23	-1.03029	10	-1.00913
sp|P13674-2|P4	P4HA1	6	10	26	-1.04077	10	-1.11411
sp|P16520|GBB	GNB3	0	2	3	-1.04221	0	-1.09995
sp|Q9BYT8|NE	NLN	1	3	19	-1.04247	13	-1.17291
sp|Q6T4R5|NH	NHS	0	8	15	-1.04284	0	-1.31636
sp|Q9UL26|RB2	RAB22A	0	2	7	-1.06212	0	-1.08609
sp|Q6DD88|ATL	ATL3	15	29	31	-1.0638	13	-1.07766
sp|O94973-2|A	AP2A2	0	19	37	-1.06945	13	-1.11992
sp|Q9P2E9|RRB	RRBP1	27	52	108	-1.07032	61	-1.05483
sp|Q9P0K7-2|R	RAI14	10	51	99	-1.07566	37	-1.02862
sp|P04899|GNA	GNAI2	2	26	45	-1.08819	5	-1.26381
sp|Q9Y4G6|TLN	TLN2	13	28	87	-1.09741	26	-1.1301

sp|O75521|ECI2	ECI2	2	6	18	-1.09815	7	-1.06227
sp|O75970|MPI	MPDZ	2	3	29	-1.1055	3	-1.10623
sp|P26006|ITA3	ITGA3	4	25	57	-1.10572	15	-1.21796
sp|P78356|PI42	PIP4K2B	1	15	22	-1.10655	2	-1.64159
sp|O14974|MYI	PPP1R12A	8	32	63	-1.10759	23	-1.58985
sp|Q07065|CKA	CKAP4	17	53	108	-1.12083	33	-1.09144
sp|P62879|GBB	GNB2	1	14	22	-1.12564	2	-1.02884
sp|Q6WCQ1-2|I	MPRIP	3	19	65	-1.14029	28	-1.04401
sp|P56199|ITA1	ITGA1	1	47	125	-1.14132	7	-1.07394
sp|P54289|CA2I	CACNA2D1	4	57	86	-1.14434	10	-1.18519
sp|Q9UHR4|BI2	BAIAP2L1	1	10	21	-1.14698	0	-1.06003
sp|Q8TED1|GPX	GPX8	2	3	13	-1.14726	7	-1.12989
sp|Q9UHN6|TM	TMEM2	0	3	20	-1.14871	1	-1.99414
sp|Q9BZG1|RAI	RAB34	2	7	29	-1.15675	9	-1.0028
sp|P48960|CD9	CD97	1	13	32	-1.15912	3	-1.14158
sp|O15460|P4H	P4HA2	0	4	9	-1.16012	5	-1.17491
sp|P35232|PHB	PHB	3	6	19	-1.16684	5	-1.28903
sp|P84095|RHO	RHOG	4	14	18	-1.17044	4	-1.21658
sp|Q9UM00|TM	TMCO1	1	3	10	-1.17237	4	-1.02664
sp|Q99808|S29	SLC29A1	0	1	8	-1.17394	0	-1.37192
sp|Q9BZF9|UAC	UACA	0	6	13	-1.17474	1	-1.57169
sp|Q96CW1|AP	AP2M1	2	14	34	-1.17559	5	-1.2274
sp|P05556|ITB1	ITGB1	10	73	177	-1.18118	30	-1.22314
sp|Q9NXD2|MT	MTMR10	0	4	9	-1.18211	0	-1.58508
sp|P02786|TFR	TFRC	42	133	265	-1.18221	98	-1.20127
sp|P23458|JAK1	JAK1	0	11	20	-1.18714	0	-1.06106
sp|Q6UWP7|LCI	LCLAT1	0	4	6	-1.18884	0	-1.18884
sp|P10114|RAP	RAP2A	0	1	4	-1.19051	0	-1.19706
tr|E7EN19|E7EI	MAP4K4	0	2	4	-1.19118	0	-1.06294
sp|Q9UBC2-2|E	EPS15L1	1	12	39	-1.19148	18	-1.12661
sp|P23634|AT2I	ATP2B4	1	26	43	-1.1916	7	-1.06093
sp|Q9Y4D7|PLX	PLXND1	0	12	45	-1.19605	1	-1.04517
sp|Q15147-4|PI	PLCB4	0	2	22	-1.20051	0	-1.23449
sp|Q99623|PHB	PHB2	4	5	16	-1.21768	10	-1.28426
sp|P22307|NLTI	SCP2	6	20	28	-1.22304	15	-1.28422
sp|P51159|RB2	RAB27A	2	4	10	-1.22311	6	-1.27957
sp|Q9UBR5|CKL	CKLF	0	1	3	-1.23376	0	-1.17944
sp|P63010-2|AI	AP2B1	12	60	106	-1.23832	32	-1.34836
sp|Q9H7Z7|PGE	PTGES2	3	9	23	-1.24033	11	-1.74802
sp|Q8IWT6|LRC	LRRC8A	1	19	39	-1.24648	5	-1.11878
sp|P60660-2|M	MYL6	5	6	45	-1.24889	16	-1.44672
sp|Q13217|DNJ	DNAJC3	0	4	18	-1.25179	5	-1.36234
sp|Q9H5I5-4|PII	PIEZO2	0	5	19	-1.25202	2	-1.00713
sp|Q13492|PIC	PICALM	2	18	25	-1.25667	8	-1.14923
sp|O00159|MY	MYO1C	3	25	89	-1.26157	26	-1.35134

tr|H3BQK9|H3B	MACF1	30	64	234	-1.26664	82	-1.19617
sp|P35222|CTN	CTNNB1	6	24	40	-1.27231	7	-1.26837
sp|Q9H223|EH	EHD4	2	15	18	-1.27637	8	-1.24139
sp|P30405|PPIF	PPIF	3	7	7	-1.27916	4	-1.85245
sp|P42892|ECE	ECE1	6	37	75	-1.28515	14	-1.22069
sp|P46821|MA	MAP1B	111	122	221	-1.28725	140	-1.11795
sp|Q9Y2Q3-2|G	GSTK1	7	12	32	-1.28737	12	-1.38998
sp|O95470|SGP	SGPL1	1	8	13	-1.2876	4	-1.27415
sp|Q6YHK3|CD1	CD109	0	4	18	-1.28773	0	-1.42355
sp|Q9H4M9|EH	EHD1	9	18	42	-1.28783	15	-1.17774
sp|P46939|UTR	UTRN	14	66	206	-1.28817	55	-1.30451
sp|P53680|AP2	AP2S1	0	4	15	-1.29198	0	-1.2406
sp|O15439|MR	ABCC4	0	20	79	-1.30086	2	-1.20061
sp|Q96AC1-3|F	FERMT2	8	56	95	-1.30307	25	-1.40391
sp|Q15942|ZYX	ZYX	16	21	45	-1.30972	17	-1.36338
sp|Q9Y490|TLN	TLN1	73	179	245	-1.311	116	-1.1083
sp|Q9UBP9|GU	GULP1	0	8	25	-1.31487	3	-1.34457
sp|Q9BUV8-5|C	C20orf24	0	1	5	-1.32485	0	-1.19865
sp|Q92930|RAB	RAB8B	0	1	13	-1.32988	0	-1.60353
sp|Q96DB5|RM	RMDN1	0	4	15	-1.33686	6	-1.97483
sp|Q96JJ7|TMX	TMX3	5	18	32	-1.33727	14	-1.31655
sp|O75923-13|	DYSF	1	5	9	-1.34234	3	-1.4577
sp|O95782|AP2	AP2A1	0	11	30	-1.35137	9	-1.42212
sp|Q8NDI1|EHB	EHBP1	2	4	8	-1.3537	3	-1.94752
sp|P50454|SER	SERPINH1	17	63	120	-1.36063	35	-1.42473
sp|O15382|BCA	BCAT2	3	4	10	-1.36252	6	-1.70117
sp|Q9BUR5|AP	APOO	1	3	4	-1.36313	2	-1.28648
sp|O00469-2|PL	PLOD2	7	31	77	-1.3641	29	-1.3509
sp|P51659-2|D	HSD17B4	11	30	69	-1.3683	24	-1.1924
sp|Q8IY22|CMI	CMIP	0	2	3	-1.3795	1	-1.39477
sp|Q8N3D4|EH	EHBP1L1	9	17	36	-1.384	7	-1.37206
sp|P35221|CTN	CTNNA1	9	66	101	-1.38618	29	-1.48503
sp|Q7KYR7-1|B	BTN2A1	0	4	8	-1.39192	0	-1.53706
sp|Q9BWH2|FU	FUNDC2	0	1	6	-1.39466	0	-1.70674
sp|P60033|CD8	CD81	0	3	9	-1.39776	2	-1.19063
sp|P48426|PI42	PIP4K2A	0	1	10	-1.40148	0	-1.27605
sp|O00161|SNP	SNAP23	4	21	37	-1.4016	11	-1.43881
sp|Q5T9L3-2|W	WLS	0	2	8	-1.40924	1	-1.56945
sp|P21796|VDA	VDAC1	39	110	127	-1.41396	54	-1.52275
sp|P26232|CTN	CTNNA2	2	10	11	-1.41518	2	-1.10971
sp|Q63ZY3-2|K	KANK2	2	5	22	-1.41702	4	-1.45231
sp|Q86XL3|ANK	ANKLE2	0	1	6	-1.42946	5	-1.30149
sp|O00214-2|LE	LGALS8	0	3	17	-1.43033	0	-1.39372
sp|O60716|CTN	CTNND1	7	44	85	-1.44225	20	-1.44417
sp|O14950|ML1	MYL12B	5	16	47	-1.45081	16	-1.47957

sp|Q9NVV4|PA	MTPAP	0	3	7	-1.45391	2	-1.88695
sp|O43570|CA	CA12	0	3	5	-1.45459	0	-1.45411
sp|P08962|CD6	CD63	4	20	47	-1.45681	14	-1.25284
sp|Q05682|CAL	CALD1	18	59	136	-1.46057	38	-1.44374
sp|Q9NXU5|AR	ARL15	0	1	4	-1.4617	0	-1.75123
sp|Q9P265|DIP	DIP2B	3	10	27	-1.46763	9	-1.68322
sp|P15144|AM	ANPEP	1	17	43	-1.4732	6	-1.26631
sp|Q6Y288|B3G	B3GALTL	0	2	3	-1.4739	0	-1.6208
sp|Q02978|M2	SLC25A11	1	5	17	-1.47423	3	-1.66208
sp|O60313-2|O	OPA1	8	18	43	-1.47593	30	-1.44486
sp|Q8NBS9|TX	TXNDC5	1	3	20	-1.48024	7	-1.59648
sp|P19022|CAD	CDH2	1	24	42	-1.48673	5	-1.63658
sp|Q9NZM1|M	MYOF	53	218	355	-1.48721	98	-1.44776
sp|P43121|MU	MCAM	13	51	86	-1.48814	20	-1.42427
sp|Q99714|HC	HSD17B10	1	4	7	-1.49339	2	-2.05831
sp|P45880-1|V	VDAC2	14	20	49	-1.49802	24	-1.90509
sp|P35579|MY	MYH9	168	609	1111	-1.51014	344	-1.52418
sp|P27105|STO	STOM	1	19	47	-1.54854	8	-1.3324
sp|P34897|GLY	SHMT2	5	13	31	-1.55564	14	-1.32454
sp|P01130|LDL	LDLR	1	6	16	-1.55718	2	-1.38143
sp|Q00325|MP	SLC25A3	8	14	37	-1.57055	17	-1.99059
sp|P35749-2|M	MYH11	17	45	75	-1.5887	35	-1.42487
sp|P51636|CAV	CAV2	0	4	10	-1.59016	4	-1.88042
sp|Q68CZ2|TEN	TNS3	3	7	28	-1.60155	19	-1.09197
sp|P61587|RND	RND3	0	1	8	-1.61047	0	-1.5718
sp|P04181|OAT	OAT	4	8	18	-1.6447	11	-1.45778
sp|P07355-2|A	ANXA2	42	106	183	-1.6454	61	-1.61226
sp|P42704|LPP	LRPPRC	27	79	155	-1.64625	79	-1.568
sp|Q9NZN4|EH	EHD2	3	23	41	-1.64965	8	-1.71871
sp|P49748-3|A	ACADVL	11	20	43	-1.65661	24	-1.43466
sp|Q5M775|CY	SPECC1	3	37	61	-1.65975	14	-1.69475
sp|Q9NX40|OC	OCIAD1	1	3	6	-1.66108	3	-1.47418
sp|Q9BQ95|ECS	ECSIT	0	1	3	-1.66193	2	-1.29809
sp|O94826|TO	TOMM70A	0	4	23	-1.67249	6	-1.64702
sp|P00367|DHE	GLUD1	8	24	36	-1.68863	18	-1.88011
sp|Q8TCS8|PNP	PNPT1	8	17	43	-1.68904	13	-1.51005
sp|Q15404|RSU	RSU1	3	12	28	-1.69768	13	-1.92314
sp|Q969G5|PR	PRKCDBP	0	5	7	-1.69807	4	-2.15945
sp|Q6EMK4|VA	VASN	0	3	11	-1.69952	2	-1.69891
sp|Q6YN16|HS	HSDL2	7	22	31	-1.74121	14	-1.55978
sp|Q14764|MV	MVP	1	5	29	-1.75634	19	-2.02963
sp|Q6Y1H2|HA	PTPLB	0	2	3	-1.76263	0	-1.09793
sp|Q6NZI2|PTR	PTRF	9	37	44	-1.76949	13	-1.61817
sp|P61604|CH1	HSPE1	16	43	64	-1.78294	23	-1.90212
tr|H0Y5C6|H0Y	FLNA	2	3	10	-1.81476	3	-1.8312

sp|Q9HBI1|PAR	PARVB	0	3	9	-1.82323	2	-1.50328
sp|Q03135|CAV	CAV1	3	23	52	-1.86982	12	-1.78579
sp|P08648|ITA5	ITGA5	3	28	61	-1.89265	11	-1.88708
sp|Q5T9A4|ATD	ATAD3B	2	7	22	-1.89927	10	-2.33988
sp|Q9UJS0-2|C	SLC25A13	6	10	17	-1.90017	10	-1.93134
sp|Q8IXL7|MSR	MSRB3	0	1	6	-1.90141	1	-1.80687
sp|Q9H4G4|GA	GLIPR2	1	3	19	-1.93593	3	-1.90854
sp|Q96RD7|PA	PANX1	0	17	22	-1.95236	1	-1.40794
sp|P55084|ECH	HADHB	7	21	37	-1.97335	21	-2.08384
sp|P09622|DLD	DLD	9	17	33	-1.98191	16	-1.94346
sp|Q15012|LAP	LAPTM4A	0	2	7	-1.98447	0	-1.70349
sp|Q04721|NO	NOTCH2	0	8	25	-2.01952	3	-1.67722
sp|Q13418|ILK_	ILK	4	8	28	-2.03479	8	-1.93142
sp|P50416|CPT	CPT1A	0	8	26	-2.03831	10	-2.048
sp|P55290-4|C	CDH13	0	2	12	-2.05315	1	-2.03972
sp|Q9NVD7|PA	PARVA	0	15	19	-2.05723	9	-1.85283
sp|Q07954|LRP	LRP1	1	8	33	-2.07716	5	-2.38708
sp|Q92604|LGA	LPGAT1	0	3	9	-2.09813	1	-1.52126
sp|Q9Y2S7|PDI	POLDIP2	0	2	3	-2.13207	1	-1.95
sp|Q99653|CHP	CHP1	0	2	7	-2.16391	1	-2.03067
sp|Q9UHB6-4|L	LIMA1	5	39	90	-2.22971	31	-2.34349
sp|Q9NUJ1|AB	ABHD10	1	5	10	-2.24619	4	-2.26815
sp|P50443|S26	SLC26A2	0	5	11	-2.24982	2	-3.21448
sp|Q14315|FLN	FLNC	31	35	130	-2.27439	95	-1.71174
sp|Q8WW59|S	SPRYD4	0	1	6	-2.2905	3	-1.15604
sp|P29317|EPH	EPHA2	3	24	45	-2.36442	6	-2.08753
sp|Q9ULG6-5|C	CCPG1	1	15	38	-2.39184	9	-2.094
sp|Q86VP1|TAX	TAX1BP1	1	4	12	-2.44907	6	-2.61604
sp|Q9UHB6|LI	LIMA1	0	7	7	-2.4737	2	-1.87858
sp|Q13501|SQS	SQSTM1	6	26	34	-2.50207	10	-2.24467
sp|Q15771|RAB	RAB30	0	1	3	-2.504	0	-1.84343
sp|Q6UVK1|CS	CSPG4	0	1	9	-2.52166	0	-2.55884
sp|Q9UKX5-2|I	ITGA11	0	17	47	-2.79292	7	-2.44015
sp|P11166|GTR	SLC2A1	6	25	45	-2.89701	13	-2.86003
sp|P29323|EPH	EPHB2	0	6	16	-3.1289	0	-2.38288
sp|P29320|EPH	EPHA3	0	3	8	-3.59752	0	-3.25603
sp|P02751-15|F	FN1	2	8	36	-3.61262	10	-3.87336
sp|P02452|CO	COL1A1	2	8	16	-3.72843	5	-2.70019
sp|P04114|APO	APOB	0	17	26	-4.74689	4	-4.52725

	GeneID	Symbol	Database ID	Ave.APSM	S^N_Score	WS^N_Score	D^N_Score	WD^N_Score	Z_score
1	**29919**	**C18orf8**	**sp|Q96DM3|MIC1_HUMAN**	**161**	**10.74**	**10.36**	**17.94**	**17.83**	**7.42**
2	**51622**	**CCZ1**	**sp|P86790|CCZ1L_HUMAN**	**16**	**3.39**	**3.26**	**5.66**	**5.62**	**7.42**
3	**22879**	**MON1B**	**sp|Q7L1V2|MON1B_HUMAN**	**15**	**3.28**	**3.16**	**5.48**	**5.44**	**7.41**
4	**84315**	**MON1A**	**sp|Q86VX9|MON1A_HUMAN**	**9**	**2.54**	**2.45**	**4.24**	**4.21**	**7.43**
5	**90293**	**KLHL13**	**sp|Q9P2N7-2|KLH13_HUMAN**	**4**	**1.69**	**1.63**	**2.83**	**2.81**	**7.42**
6	**55958**	**KLHL9**	**sp|Q9P2J3|KLHL9_HUMAN**	**4**	**1.69**	**1.63**	**2.83**	**2.81**	**7.42**
7	**2744**	**GLS**	**sp|O94925-3|GLSK_HUMAN**	**2**	**1.2**	**1.15**	**2**	**1.99**	**7.54**
8	7915	**ALDH5A1**	sp|P51649|SSDH_HUMAN	8	0.98	0.97	0.67	0.7	1.34
9	291	**SLC25A4**	sp|P12235|ADT1_HUMAN	2	0.69	0.67	0.67	0.66	0.56
10	54931	**RG9MTD1**	sp|Q7L0Y3|MRRP1_HUMAN	9	0.66	0.86	0.28	0.52	0.78
11	10762	**NUP50**	sp|Q9UKX7-2|NUP50_HUMAN	1	0.49	0.47	0.47	0.47	4.13
12	28971	**C11orf67**	sp|Q9H7C9|CK067_HUMAN	1	0.42	0.41	0.35	0.35	3.58
13	1917	**EEF1A2**	sp|Q05639|EF1A2_HUMAN	6	0.62	0.6	0.31	0.31	1.45
14	7415	**VCP**	sp|P55072|TERA_HUMAN	27	0.6	0.85	0.14	0.29	-0.17
15	154796	**AMOT**	sp|Q4VCS5|AMOT_HUMAN	6	0.6	0.58	0.29	0.29	5.86
16	79784	**MYH14**	sp|Q7Z406-2|MYH14_HUMAN	3	0.46	0.48	0.24	0.28	1.31
17	26958	**COPG2**	sp|Q9UBF2|COPG2_HUMAN	2	0.45	0.44	0.29	0.28	2.49
18	3832	**KIF11**	sp|P52732|KIF11_HUMAN	44	0.91	0.93	0.25	0.27	1.34
19	3028	**HSD17B10**	sp|Q99714|HCD2_HUMAN	17	0.61	0.72	0.18	0.27	1.9
20	3396	**ICT1**	sp|Q14197|ICT1_HUMAN	3	0.49	0.47	0.27	0.27	2.49
21	64419	**MTMR14**	sp|Q8NCE2-2|MTMRE_HUMAN	1	0.35	0.36	0.24	0.27	0.42
22	5836	**PYGL**	sp|P06737|PYGL_HUMAN	3	0.46	0.45	0.24	0.24	2.74
23	6390	**SDHB**	sp|P21912|DHSB_HUMAN	2	0.38	0.39	0.2	0.23	1.46
24	11051	**NUDT21**	sp|O43809|CPSF5_HUMAN	1	0.35	0.33	0.24	0.23	1.58
25	5636	**PRPSAP2**	sp|O60256|KPRB_HUMAN	5	0.51	0.49	0.23	0.22	1.39
26	6389	**SDHA**	sp|P31040|DHSA_HUMAN	3	0.37	0.43	0.15	0.22	1.23
27	5725	**PTBP1**	sp|P26599-2|PTBP1_HUMAN	2	0.38	0.37	0.2	0.2	2.87
28	22820	**COPG**	sp|Q9Y678|COPG_HUMAN	2	0.38	0.37	0.2	0.2	0.86
29	6428	**SRSF3**	sp|P84103|SRSF3_HUMAN	2	0.38	0.37	0.2	0.2	2.85
30	10382	**TUBB4**	sp|P04350|TBB4_HUMAN	16	0.62	0.6	0.19	0.19	-0.02
31	26122	**EPC2**	sp|Q52LR7|EPC2_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
32	5634	**PRPS2**	sp|P11908-2|PRPS2_HUMAN	4	0.44	0.42	0.19	0.19	1.6
33	57082	**CASC5**	sp|Q8NG31-2|CASC5_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
34	122060	**SLAIN1**	sp|Q8ND83-2|SLAI1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
35	203100	**HTRA4**	sp|P83105|HTRA4_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54

36	10335	**MRVI1**	sp|Q9Y6F6-2|MRVI1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
37	2316	**FLNA**	sp|P21333-2|FLNA_HUMAN	45	0.76	0.73	0.17	0.17	-0.28
38	54442	**KCTD5**	sp|Q9NXV2|KCTD5_HUMAN	10	0.52	0.51	0.17	0.17	0.83
39	79734	**KCTD17**	sp|Q8N5Z5-2|KCD17_HUMAN	8	0.49	0.47	0.17	0.17	0.38
40	10419	**PRMT5**	sp|O14744|ANM5_HUMAN	37	0.7	0.68	0.16	0.16	-0.26
41	391634	**HSP90AB2P**	sp|Q58FF8|H90B2_HUMAN	4	0.4	0.38	0.16	0.16	1.69
42	54466	**SPIN2A**	sp|Q99865|SPI2A_HUMAN	3	0.38	0.37	0.16	0.16	1.02
43	54953	**C1orf27**	sp|Q5SWX8-2|ODR4_HUMAN	3	0.38	0.37	0.16	0.16	1.86
44	10944	**C11orf58**	sp|O00193|SMAP_HUMAN	1	0.28	0.27	0.16	0.16	1.91
45	80349	**WDR61**	sp|Q9GZS3|WDR61_HUMAN	1	0.28	0.27	0.16	0.16	0.91
46	5631	**PRPS1**	sp|P60891|PRPS1_HUMAN	6	0.43	0.42	0.15	0.15	1.77
47	1642	**DDB1**	sp|Q16531|DDB1_HUMAN	3	0.24	0.35	0.07	0.15	-0.21
48	3188	**HNRNPH2**	sp|P55795|HNRH2_HUMAN	5	0.41	0.4	0.15	0.15	1.69
49	54790	**TET2**	sp|Q6N021|TET2_HUMAN	2	0.33	0.32	0.15	0.15	2.26
50	3304	**HSPA1B**	sp|P08107|HSP71_HUMAN	33	0.64	0.62	0.14	0.14	-0.24
51	3312	**HSPA8**	sp|P11142|HSP7C_HUMAN	34	0.65	0.63	0.14	0.14	-0.04
52	2194	**FASN**	sp|P49327|FAS_HUMAN	15	0.48	0.51	0.12	0.14	1.32
53	84823	**LMNB2**	sp|Q03252|LMNB2_HUMAN	3	0.36	0.34	0.14	0.14	4.34
54	10808	**HSPH1**	sp|Q92598-2|HS105_HUMAN	9	0.41	0.45	0.11	0.14	0.74
55	23510	**KCTD2**	sp|Q14681|KCTD2_HUMAN	6	0.42	0.41	0.14	0.14	1.23
56	11329	**STK38**	sp|Q15208|STK38_HUMAN	26	0.6	0.58	0.14	0.14	0.1
57	79596	**RNF219**	sp|Q5W0B1|RN219_HUMAN	5	0.4	0.39	0.14	0.14	2.5
58	23527	**ACAP2**	sp|Q15057|ACAP2_HUMAN	6	0.41	0.4	0.14	0.14	2.28
59	23112	**TNRC6B**	sp|Q9UPQ9-1|TNR6B_HUMAN	3	0.36	0.34	0.14	0.14	2.62
60	6426	**SRSF1**	sp|Q07955-2|SRSF1_HUMAN	1	0.26	0.26	0.13	0.14	0.47
61	5501	**PPP1CC**	sp|P36873-2|PP1G_HUMAN	1	0.19	0.26	0.07	0.14	0.03
62	50814	**NSDHL**	sp|Q15738|NSDHL_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
63	51479	**ANKFY1**	sp|Q9P2R3-2|ANFY1_HUMAN	18	0.54	0.52	0.13	0.13	0.66
64	1267	**CNP**	sp|P09543-2|CN37_HUMAN	1	0.26	0.25	0.13	0.13	0.72
65	84790	**TUBA1C**	sp|Q9BQE3|TBA1C_HUMAN	16	0.52	0.5	0.13	0.13	-0.22
66	55677	**IWS1**	sp|Q96ST2-2|IWS1_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	1.69
67	3838	**KPNA2**	sp|P52292|IMA2_HUMAN	5	0.39	0.37	0.13	0.13	3.58
68	5635	**PRPSAP1**	sp|Q14558-2|KPRA_HUMAN	2	0.31	0.3	0.13	0.13	0.62
69	1975	**EIF4B**	sp|P23588|IF4B_HUMAN	17	0.52	0.5	0.13	0.13	0.12
70	79718	**TBL1XR1**	sp|Q9BZK7|TBL1R_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
71	23193	**GANAB**	sp|Q14697-2|GANAB_HUMAN	3	0.32	0.33	0.12	0.13	1.23
72	11215	**AKAP11**	sp|Q9UKA4|AKA11_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05

73	23137	**SMC5**	sp|Q8IY18|SMC5_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
74	3305	**HSPA1L**	sp|P34931|HS71L_HUMAN	18	0.5	0.48	0.12	0.12	-0.09
75	476	**ATP1A1**	sp|P05023|AT1A1_HUMAN	5	0.28	0.35	0.07	0.12	-0.06
76	7184	**HSP90B1**	sp|P14625|ENPL_HUMAN	8	0.42	0.41	0.12	0.12	2.35
77	144097	**C11orf84**	sp|Q9BUA3|CK084_HUMAN	17	0.5	0.48	0.12	0.12	0.92
78	5905	**RANGAP1**	sp|P46060|RAGP1_HUMAN	3	0.32	0.31	0.12	0.12	2.96
79	7203	**CCT3**	sp|P49368|TCPG_HUMAN	21	0.52	0.5	0.12	0.12	0.22
80	4627	**MYH9**	sp|P35579|MYH9_HUMAN	17	0.5	0.48	0.12	0.12	2.21
81	8241	**RBM10**	sp|P98175-2|RBM10_HUMAN	17	0.5	0.48	0.12	0.12	-0.01
82	3308	**HSPA4**	sp|P34932|HSP74_HUMAN	15	0.48	0.46	0.12	0.12	0.54
83	203068	**TUBB**	sp|P07437|TBB5_HUMAN	23	0.54	0.52	0.12	0.12	-0.51
84	10383	**TUBB2C**	sp|P68371|TBB2C_HUMAN	17	0.49	0.48	0.12	0.12	-0.42
85	6093	**ROCK1**	sp|Q13464|ROCK1_HUMAN	7	0.4	0.39	0.12	0.12	1.22
86	51593	**SRRT**	sp|Q9BXP5-2|SRRT_HUMAN	1	0.24	0.24	0.12	0.12	1.28
87	3921	**RPSA**	sp|P08865|RSSA_HUMAN	11	0.46	0.44	0.12	0.12	3.46
88	5695	**PSMB7**	sp|Q99436|PSB7_HUMAN	2	0.29	0.28	0.12	0.12	2.13
89	2017	**CTTN**	sp|Q14247|SRC8_HUMAN	1	0.24	0.24	0.12	0.12	1.03
90	10342	**TFG**	sp|Q92734|TFG_HUMAN	1	0.24	0.24	0.12	0.12	0.66
91	4172	**MCM3**	sp|P25205|MCM3_HUMAN	3	0.31	0.31	0.11	0.12	0.84
92	3309	**HSPA5**	sp|P11021|GRP78_HUMAN	19	0.49	0.48	0.11	0.11	0.27
93	47	**ACLY**	sp|P53396|ACLY_HUMAN	6	0.37	0.36	0.11	0.11	1.97
94	70	**ACTC1**	sp|P68032|ACTC_HUMAN	7	0.39	0.38	0.11	0.11	0.65
95	10694	**CCT8**	sp|P50990|TCPQ_HUMAN	20	0.51	0.49	0.11	0.11	0
96	10454	**TAB1**	sp|Q15750|TAB1_HUMAN	12	0.44	0.42	0.11	0.11	0.53
97	10575	**CCT4**	sp|P50991|TCPD_HUMAN	20	0.51	0.49	0.11	0.11	0.18
98	10376	**TUBA1B**	sp|P68363|TBA1B_HUMAN	18	0.49	0.47	0.11	0.11	-0.43
99	226	**ALDOA**	sp|P04075|ALDOA_HUMAN	3	0.31	0.3	0.11	0.11	1.94
100	22948	**CCT5**	sp|P48643|TCPE_HUMAN	19	0.49	0.48	0.11	0.11	0.34
101	6520	**SLC3A2**	sp|P08195-2|4F2_HUMAN	3	0.31	0.3	0.11	0.11	1.51
102	79084	**WDR77**	sp|Q9BQA1|MEP50_HUMAN	16	0.47	0.45	0.11	0.11	-0.27
103	2027	**ENO3**	sp|P13929-2|ENOB_HUMAN	2	0.28	0.27	0.11	0.11	1.02
104	23636	**NUP62**	sp|P37198|NUP62_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	0.96
105	7431	**VIM**	sp|P08670|VIME_HUMAN	14	0.46	0.45	0.11	0.11	1.91
106	6950	**TCP1**	sp|P17987|TCPA_HUMAN	19	0.49	0.47	0.11	0.11	0
107	10625	**IVNS1ABP**	sp|Q9Y6Y0|NS1BP_HUMAN	9	0.4	0.39	0.11	0.11	1.17
108	1778	**DYNC1H1**	sp|Q14204|DYHC1_HUMAN	9	0.41	0.39	0.11	0.11	-0.29
109	55749	**CCAR1**	sp|Q8IX12-2|CCAR1_HUMAN	3	0.31	0.3	0.11	0.11	1.43

110	10576	**CCT2**	sp|P78371|TCPB_HUMAN	20	0.51	0.49	0.11	0.11	0.03
111	1785	**DNM2**	sp|P50570-2|DYN2_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
112	79077	**DCTPP1**	sp|Q9H773|DCTP1_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
113	79184	**BRCC3**	sp|P46736-2|BRCC3_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
114	3310	**HSPA6**	sp|P17066|HSP76_HUMAN	13	0.43	0.41	0.1	0.1	0.38
115	2317	**FLNB**	sp|O75369-2|FLNB_HUMAN	9	0.38	0.37	0.1	0.1	1.22
116	2318	**FLNC**	sp|Q14315-2|FLNC_HUMAN	4	0.33	0.31	0.1	0.1	0.73
117	8570	**KHSRP**	sp|Q92945-2|FUBP2_HUMAN	3	0.3	0.29	0.1	0.1	1.06
118	908	**CCT6A**	sp|P40227|TCPZ_HUMAN	15	0.44	0.43	0.1	0.1	0.29
119	10574	**CCT7**	sp|Q99832|TCPH_HUMAN	16	0.45	0.43	0.1	0.1	0
120	3313	**HSPA9**	sp|P38646|GRP75_HUMAN	17	0.47	0.45	0.1	0.1	0.19
121	1981	**EIF4G1**	sp|Q04637-3|IF4G1_HUMAN	2	0.27	0.26	0.1	0.1	1.8
122	9967	**THRAP3**	sp|Q9Y2W1|TR150_HUMAN	11	0.41	0.39	0.1	0.1	0.09
123	3276	**PRMT1**	sp|Q99873-2|ANM1_HUMAN	5	0.28	0.32	0.07	0.1	-0.08
124	9987	**HNRPDL**	sp|O14979-2|HNRDL_HUMAN	1	0.23	0.22	0.1	0.1	0.71
125	4176	**MCM7**	sp|P33993|MCM7_HUMAN	3	0.29	0.28	0.1	0.1	2.07
126	5903	**RANBP2**	sp|P49792|RBP2_HUMAN	1	0.23	0.22	0.1	0.1	1.36
127	3065	**HDAC1**	sp|Q13547|HDAC1_HUMAN	2	0.27	0.26	0.1	0.1	1.62
128	1314	**COPA**	sp|P53621-2|COPA_HUMAN	5	0.32	0.33	0.09	0.1	0.83
129	4171	**MCM2**	sp|P49736|MCM2_HUMAN	3	0.29	0.28	0.1	0.1	1.21
130	270	**AMPD1**	sp|P23109|AMPD1_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
131	1937	**EEF1G**	sp|P26641|EF1G_HUMAN	12	0.4	0.38	0.09	0.09	0.88
132	3326	**HSP90AB1**	sp|P08238|HS90B_HUMAN	11	0.39	0.37	0.09	0.09	0.46
133	4628	**MYH10**	sp|P35580-2|MYH10_HUMAN	7	0.35	0.33	0.09	0.09	0.98
134	26121	**PRPF31**	sp|Q8WWY3|PRP31_HUMAN	10	0.39	0.37	0.09	0.09	-0.08
135	10927	**SPIN1**	sp|Q9Y657|SPIN1_HUMAN	9	0.37	0.36	0.09	0.09	0.13
136	83732	**RIOK1**	sp|Q9BRS2|RIOK1_HUMAN	8	0.36	0.34	0.09	0.09	0.06
137	22824	**HSPA4L**	sp|O95757|HS74L_HUMAN	4	0.29	0.29	0.08	0.09	0.1
138	4052	**LTBP1**	sp|Q14766-4|LTBP1_HUMAN	6	0.33	0.32	0.09	0.09	1.03
139	84311	**MRPL45**	sp|Q9BRJ2|RM45_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
140	10399	**GNB2L1**	sp|P63244|GBLP_HUMAN	2	0.26	0.25	0.1	0.09	0.83
141	23012	**STK38L**	sp|Q9Y2H1|ST38L_HUMAN	10	0.39	0.38	0.1	0.09	-0.13
142	11034	**DSTN**	sp|P60981|DEST_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
143	6874	**TAF4**	sp|O00268|TAF4_HUMAN	5	0.32	0.3	0.09	0.09	0.31
144	5436	**POLR2G**	sp|P62487|RPB7_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	1.25
145	372	**ARCN1**	sp|P48444|COPD_HUMAN	2	0.26	0.25	0.09	0.09	1.3
146	6218	**RPS17**	sp|P08708|RS17_HUMAN	2	0.26	0.25	0.1	0.09	0.97

147	6184	**RPN1**	sp|P04843|RPN1_HUMAN	1	0.18	0.21	0.07	0.09	-0.02
148	3030	**HADHA**	sp|P40939|ECHA_HUMAN	2	0.25	0.25	0.09	0.09	0.36
149	84305	**WIBG**	sp|Q9BRP8-2|WIBG_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
150	2280	**FKBP1A**	sp|P62942|FKB1A_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
151	79672	**FN3KRP**	sp|Q9HA64|KT3K_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
152	487	**ATP2A1**	sp|O14983-2|AT2A1_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
153	5707	**PSMD1**	sp|Q99460-2|PSMD1_HUMAN	7	0.32	0.31	0.08	0.08	1.07
154	3320	**HSP90AA1**	sp|P07900-2|HS90A_HUMAN	10	0.37	0.35	0.08	0.08	0.6
155	10155	**TRIM28**	sp|Q13263-2|TIF1B_HUMAN	8	0.34	0.33	0.08	0.08	1.87
156	3848	**KRT1**	sp|P04264|K2C1_HUMAN	9	0.34	0.33	0.08	0.08	-0.5
157	60	**ACTB**	sp|P60709|ACTB_HUMAN	11	0.38	0.36	0.08	0.08	0.45
158	5702	**PSMC3**	sp|P17980|PRS6A_HUMAN	8	0.34	0.33	0.08	0.08	2.04
159	821	**CANX**	sp|P27824|CALX_HUMAN	3	0.27	0.26	0.08	0.08	1.61
160	5685	**PSMA4**	sp|P25789|PSA4_HUMAN	4	0.28	0.27	0.08	0.08	1.52
161	2873	**GPS1**	sp|Q13098-5|CSN1_HUMAN	1	0.24	0.34	0.05	0.08	0
162	60488	**MRPS35**	sp|P82673-2|RT35_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	1.58
163	1915	**EEF1A1**	sp|P68104|EF1A1_HUMAN	11	0.37	0.36	0.08	0.08	0.5
164	8661	**EIF3A**	sp|Q14152|EIF3A_HUMAN	9	0.35	0.34	0.08	0.08	-0.45
165	10243	**GPHN**	sp|Q9NQX3-2|GEPH_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
166	10540	**DCTN2**	sp|Q13561-2|DCTN2_HUMAN	3	0.2	0.26	0.05	0.08	-0.1
167	10657	**KHDRBS1**	sp|Q07666-2|KHDR1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
168	2023	**ENO1**	sp|P06733|ENOA_HUMAN	4	0.25	0.28	0.06	0.08	0.26
169	178	**AGL**	sp|P35573|GDE_HUMAN	10	0.36	0.34	0.08	0.08	-0.34
170	9793	**CKAP5**	sp|Q14008-2|CKAP5_HUMAN	4	0.28	0.27	0.08	0.08	-0.09
171	10606	**PAICS**	sp|P22234-2|PUR6_HUMAN	3	0.26	0.25	0.08	0.08	2.69
172	220134	**SKA1**	sp|Q96BD8|SKA1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
173	5701	**PSMC2**	sp|P35998|PRS7_HUMAN	7	0.32	0.31	0.08	0.08	1.42
174	4175	**MCM6**	sp|Q14566|MCM6_HUMAN	2	0.24	0.24	0.08	0.08	0.94
175	139324	**HDX**	sp|Q7Z353-2|HDX_HUMAN	2	0.24	0.24	0.08	0.08	0.78
176	7273	**TTN**	sp|Q8WZ42-2|TITIN_HUMAN	4	0.28	0.27	0.08	0.08	2.72
177	3315	**HSPB1**	sp|P04792|HSPB1_HUMAN	1	0.2	0.19	0.08	0.08	0.49
178	65080	**MRPL44**	sp|Q9H9J2|RM44_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
179	400	**ARL1**	sp|P40616|ARL1_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.32
180	4144	**MAT2A**	sp|P31153|METK2_HUMAN	4	0.29	0.28	0.08	0.08	1.21
181	4522	**MTHFD1**	sp|P11586|C1TC_HUMAN	2	0.24	0.23	0.08	0.08	0.98
182	65008	**MRPL1**	sp|Q9BYD6|RM01_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
183	3029	**HAGH**	sp|Q16775-2|GLO2_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	0.88

184	23028	**KDM1A**	sp|O60341-2|KDM1A_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
185	27339	**PRPF19**	sp|Q9UMS4|PRP19_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	2.47
186	8471	**IRS4**	sp|O14654|IRS4_HUMAN	1	0.21	0.2	0.08	0.08	0.11
187	5434	**POLR2E**	sp|P19388|RPAB1_HUMAN	1	0.21	0.2	0.08	0.08	1.22
188	64087	**MCCC2**	sp|Q9HCC0-2|MCCB_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
189	5694	**PSMB6**	sp|P28072|PSB6_HUMAN	1	0.2	0.19	0.08	0.08	0.94
190	10910	**SUGT1**	sp|Q9Y2Z0-2|SUGT1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	1.17
191	4677	**NARS**	sp|O43776|SYNC_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	1.95
192	124801	**LSM12**	sp|Q3MHD2-2|LSM12_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
193	1627	**DBN1**	sp|Q16643-2|DREB_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
194	25929	**GEMIN5**	sp|Q8TEQ6|GEMI5_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
195	9276	**COPB2**	sp|P35606|COPB2_HUMAN	2	0.22	0.22	0.07	0.07	0.25
196	7284	**TUFM**	sp|P49411|EFTU_HUMAN	3	0.24	0.24	0.07	0.07	0.12
197	1213	**CLTC**	sp|Q00610-2|CLH1_HUMAN	5	0.28	0.27	0.07	0.07	-0.29
198	5687	**PSMA6**	sp|P60900|PSA6_HUMAN	3	0.25	0.24	0.07	0.07	2.2
199	5706	**PSMC6**	sp|P62333|PRS10_HUMAN	6	0.31	0.3	0.08	0.07	2.03
200	1639	**DCTN1**	sp|Q14203-2|DCTN1_HUMAN	4	0.26	0.25	0.07	0.07	0.71
201	498	**ATP5A1**	sp|P25705|ATPA_HUMAN	8	0.32	0.31	0.07	0.07	0.35
202	1938	**EEF2**	sp|P13639|EF2_HUMAN	5	0.27	0.26	0.07	0.07	0.38
203	8663	**EIF3C**	sp|Q99613|EIF3C_HUMAN	7	0.31	0.3	0.07	0.07	0.14
204	54726	**OTUD4**	sp|Q01804-3|OTUD4_HUMAN	4	0.26	0.26	0.07	0.07	0.03
205	10480	**EIF3M**	sp|Q7L2H7|EIF3M_HUMAN	5	0.28	0.27	0.07	0.07	0.35
206	1478	**CSTF2**	sp|P33240-2|CSTF2_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.15
207	29766	**TMOD3**	sp|Q9NYL9|TMOD3_HUMAN	1	0.19	0.18	0.07	0.07	0.85
208	8668	**EIF3I**	sp|Q13347|EIF3I_HUMAN	6	0.29	0.28	0.07	0.07	0.63
209	5708	**PSMD2**	sp|Q13200|PSMD2_HUMAN	4	0.26	0.25	0.07	0.07	0.54
210	5931	**RBBP7**	sp|Q16576|RBBP7_HUMAN	3	0.24	0.24	0.07	0.07	0.49
211	5718	**PSMD12**	sp|O00232|PSD12_HUMAN	6	0.3	0.29	0.07	0.07	1.74
212	1315	**COPB1**	sp|P53618|COPB_HUMAN	2	0.2	0.21	0.06	0.07	0.03
213	347688	**TUBB8**	sp|Q3ZCM7|TBB8_HUMAN	7	0.31	0.3	0.07	0.07	-0.54
214	6240	**RRM1**	sp|P23921|RIR1_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
215	9774	**BCLAF1**	sp|Q9NYF8-2|BCLF1_HUMAN	6	0.3	0.29	0.07	0.07	-0.16
216	8664	**EIF3D**	sp|O15371|EIF3D_HUMAN	7	0.31	0.3	0.07	0.07	0.81
217	9958	**USP15**	sp|Q9Y4E8-2|UBP15_HUMAN	4	0.27	0.26	0.07	0.07	-0.05
218	6885	**MAP3K7**	sp|O43318-2|M3K7_HUMAN	4	0.26	0.25	0.07	0.07	-0.15
219	3182	**HNRNPAB**	sp|Q99729-2|ROAA_HUMAN	2	0.23	0.22	0.07	0.07	1
220	1207	**CLNS1A**	sp|P54105|ICLN_HUMAN	5	0.28	0.27	0.07	0.07	-0.6

221	1936	**EEF1D**	sp|P29692-2|EF1D_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	1.71
222	5315	**PKM2**	tr|E7EUQ8|E7EUQ8_HUMAN	6	0.29	0.28	0.07	0.07	-0.04
223	8662	**EIF3B**	sp|P55884-2|EIF3B_HUMAN	7	0.31	0.3	0.07	0.07	-0.27
224	10935	**PRDX3**	sp|P30048|PRDX3_HUMAN	3	0.26	0.25	0.07	0.07	1.14
225	3187	**HNRNPH1**	sp|P31943|HNRH1_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	0.89
226	51747	**LUC7L3**	sp|O95232|LC7L3_HUMAN	1	0.19	0.19	0.07	0.07	0.89
227	10594	**PRPF8**	sp|Q6P2Q9|PRP8_HUMAN	6	0.3	0.29	0.07	0.07	0.5
228	84545	**MRPL43**	sp|Q8N983-2|RM43_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.67
229	377	**ARF3**	sp|P61204|ARF3_HUMAN	1	0.19	0.19	0.07	0.07	0.68
230	23157	**6-Sep**	sp|Q14141-2|SEPT6_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.15
231	7332	**UBE2L3**	sp|P68036|UB2L3_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
232	5216	**PFN1**	sp|P07737|PROF1_HUMAN	2	0.22	0.21	0.07	0.07	0.83
233	6193	**RPS5**	sp|P46782|RS5_HUMAN	2	0.22	0.21	0.07	0.07	1.05
234	8826	**IQGAP1**	sp|P46940|IQGA1_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.15
235	1459	**CSNK2A2**	sp|P19784|CSK22_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	1.05
236	6227	**RPS21**	sp|P63220|RS21_HUMAN	1	0.19	0.19	0.07	0.07	0.79
237	10273	**STUB1**	sp|Q9UNE7-2|CHIP_HUMAN	1	0.27	0.29	0.06	0.07	0.09
238	8452	**CUL3**	sp|Q13618-2|CUL3_HUMAN	1	0.3	0.3	0.07	0.07	0.55
239	5093	**PCBP1**	sp|Q15365|PCBP1_HUMAN	3	0.24	0.24	0.07	0.07	1.78
240	539	**ATP5O**	sp|P48047|ATPO_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
241	5494	**PPM1A**	sp|P35813|PPM1A_HUMAN	3	0.24	0.24	0.07	0.07	-0.11
242	80335	**WDR82**	sp|Q6UXN9|WDR82_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
243	10549	**PRDX4**	sp|Q13162|PRDX4_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.39
244	5052	**PRDX1**	sp|Q06830|PRDX1_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	0.16
245	9126	**SMC3**	sp|Q9UQE7|SMC3_HUMAN	3	0.23	0.22	0.06	0.06	1.02
246	6188	**RPS3**	sp|P23396|RS3_HUMAN	6	0.28	0.27	0.06	0.06	-0.1
247	5684	**PSMA3**	sp|P25788-2|PSA3_HUMAN	1	0.17	0.16	0.06	0.06	0.68
248	708	**C1QBP**	sp|Q07021|C1QBP_HUMAN	6	0.28	0.27	0.06	0.06	0.88
249	23451	**SF3B1**	sp|O75533|SF3B1_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	0.24
250	5717	**PSMD11**	sp|O00231|PSD11_HUMAN	5	0.27	0.26	0.06	0.06	0.45
251	4001	**LMNB1**	sp|P20700|LMNB1_HUMAN	3	0.23	0.23	0.06	0.06	0.4
252	8667	**EIF3H**	sp|O15372|EIF3H_HUMAN	4	0.26	0.25	0.06	0.06	0.44
253	5589	**PRKCSH**	sp|P14314|GLU2B_HUMAN	1	0.17	0.16	0.06	0.06	0.33
254	10121	**ACTR1A**	sp|P61163|ACTZ_HUMAN	2	0.17	0.21	0.04	0.06	-0.22
255	117159	**DCD**	sp|P81605|DCD_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	2.27
256	3857	**KRT9**	sp|P35527|K1C9_HUMAN	5	0.27	0.26	0.06	0.06	-0.35
257	5713	**PSMD7**	sp|P51665|PSD7_HUMAN	3	0.22	0.22	0.06	0.06	1.42

258	3329	**HSPD1**	sp|P10809|CH60_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	-0.29
259	51520	**LARS**	sp|Q9P2J5|SYLC_HUMAN	4	0.25	0.24	0.06	0.06	-0.24
260	3858	**KRT10**	sp|P13645|K1C10_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	-0.59
261	29093	**MRPL22**	sp|Q9NWU5-2|RM22_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.91
262	51386	**EIF3L**	sp|Q9Y262|EIF3L_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	-0.48
263	10075	**HUWE1**	sp|Q7Z6Z7-2|HUWE1_HUMAN	4	0.25	0.24	0.06	0.06	0.45
264	506	**ATP5B**	sp|P06576|ATPB_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	0
265	5705	**PSMC5**	sp|P62195|PRS8_HUMAN	5	0.27	0.26	0.06	0.06	0.75
266	23020	**SNRNP200**	sp|O75643|U520_HUMAN	5	0.27	0.26	0.06	0.06	0.02
267	9343	**EFTUD2**	sp|Q15029|U5S1_HUMAN	5	0.27	0.26	0.06	0.06	1.02
268	3190	**HNRNPK**	sp|P61978-2|HNRPK_HUMAN	5	0.25	0.24	0.06	0.06	-0.47
269	6742	**SSBP1**	sp|Q04837|SSBP_HUMAN	3	0.22	0.22	0.06	0.06	2.33
270	2746	**GLUD1**	sp|P00367|DHE3_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.91
271	6202	**RPS8**	sp|P62241|RS8_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.45
272	3301	**DNAJA1**	sp|P31689|DNJA1_HUMAN	3	0.23	0.22	0.06	0.06	0.39
273	4131	**MAP1B**	sp|P46821|MAP1B_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	-0.68
274	5719	**PSMD13**	sp|Q9UNM6-2|PSD13_HUMAN	3	0.23	0.22	0.06	0.06	1.28
275	10992	**SF3B2**	sp|Q13435|SF3B2_HUMAN	2	0.19	0.2	0.05	0.06	0.07
276	8607	**RUVBL1**	sp|Q9Y265-2|RUVB1_HUMAN	4	0.26	0.25	0.06	0.06	0.76
277	29920	**PYCR2**	sp|Q96C36|P5CR2_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	1.16
278	2597	**GAPDH**	sp|P04406|G3P_HUMAN	4	0.25	0.24	0.06	0.06	0.77
279	64151	**NCAPG**	sp|Q9BPX3|CND3_HUMAN	2	0.22	0.21	0.06	0.06	1.11
280	10797	**MTHFD2**	sp|P13995|MTDC_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	1.84
281	989	**7-Sep**	sp|Q16181-2|SEPT7_HUMAN	1	0.17	0.17	0.06	0.06	0.49
282	1973	**EIF4A1**	sp|P60842|IF4A1_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.47
283	2547	**XRCC6**	sp|P12956|XRCC6_HUMAN	2	0.2	0.2	0.06	0.06	0.06
284	1738	**DLD**	sp|P09622|DLDH_HUMAN	1	0.18	0.17	0.06	0.06	1.24
285	1933	**EEF1B2**	sp|P24534|EF1B_HUMAN	6	0.28	0.27	0.06	0.06	1.77
286	2821	**GPI**	sp|P06744|G6PI_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	0.78
287	4735	**2-Sep**	sp|Q15019-2|SEPT2_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.92
288	6224	**RPS20**	sp|P60866|RS20_HUMAN	3	0.23	0.23	0.06	0.06	1.97
289	5034	**P4HB**	sp|P07237|PDIA1_HUMAN	1	0.18	0.28	0.04	0.06	-0.01
290	3609	**ILF3**	sp|Q12906-2|ILF3_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	0.99
291	51253	**MRPL37**	sp|Q9BZE1|RM37_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.39
292	23269	**MGA**	sp|Q8IWI9-2|MGAP_HUMAN	2	0.22	0.21	0.06	0.06	0.34
293	6631	**SNRPC**	sp|P09234|RU1C_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	0.86
294	5693	**PSMB5**	sp|P28074|PSB5_HUMAN	3	0.23	0.23	0.06	0.06	0.97

295	92597	**MOBKL1A**	sp|Q7L9L4|MOL1A_HUMAN	1	0.18	0.17	0.06	0.06	0.89
296	5682	**PSMA1**	sp|P25786-2|PSA1_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	1.71
297	4790	**NFKB1**	sp|P19838-2|NFKB1_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.76
298	55968	**NSFL1C**	sp|Q9UNZ2-4|NSF1C_HUMAN	1	0.27	0.27	0.06	0.06	0.03
299	219	**ALDH1B1**	sp|P30837|AL1B1_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.06
300	2521	**FUS**	sp|P35637-2|FUS_HUMAN	3	0.21	0.21	0.05	0.05	0.27
301	3849	**KRT2**	sp|P35908|K22E_HUMAN	3	0.2	0.19	0.05	0.05	-0.79
302	6204	**RPS10**	sp|P46783|RS10_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.86
303	34	**ACADM**	sp|P11310-2|ACADM_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.02
304	5689	**PSMB1**	sp|P20618|PSB1_HUMAN	2	0.18	0.17	0.05	0.05	0.37
305	5709	**PSMD3**	sp|O43242|PSMD3_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	0.11
306	5700	**PSMC1**	sp|P62191|PRS4_HUMAN	3	0.22	0.21	0.05	0.05	0.41
307	7295	**TXN**	sp|P10599|THIO_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	0.66
308	4869	**NPM1**	sp|P06748-2|NPM_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.16
309	10146	**G3BP1**	sp|Q13283|G3BP1_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	1.6
310	2950	**GSTP1**	sp|P09211|GSTP1_HUMAN	3	0.22	0.21	0.05	0.05	0.14
311	26227	**PHGDH**	sp|O43175|SERA_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.08
312	11140	**CDC37**	sp|Q16543|CDC37_HUMAN	1	0.17	0.16	0.05	0.05	0.82
313	56886	**UGGT1**	sp|Q9NYU2-2|UGGG1_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	-0.11
314	1072	**CFL1**	sp|P23528|COF1_HUMAN	2	0.18	0.17	0.05	0.05	0.51
315	7818	**DAP3**	sp|P51398|RT29_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.82
316	27335	**EIF3K**	sp|Q9UBQ5|EIF3K_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.44
317	55352	**C17orf79**	sp|Q9NQ92|COPR5_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.21
318	7266	**DNAJC7**	sp|Q99615|DNJC7_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	0.26
319	5901	**RAN**	sp|P62826|RAN_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	1.07
320	5111	**PCNA**	sp|P12004|PCNA_HUMAN	2	0.2	0.19	0.05	0.05	-0.12
321	136319	**MTPN**	sp|P58546|MTPN_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.54
322	5160	**PDHA1**	sp|P08559|ODPA_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	0.5
323	6628	**SNRPB**	sp|P14678-2|RSMB_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.24
324	3184	**HNRNPD**	sp|Q14103-2|HNRPD_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.26
325	7086	**TKT**	sp|P29401|TKT_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	0.62
326	9646	**CTR9**	sp|Q6PD62|CTR9_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	0.8
327	TPM3L_HUM	**TPM3L_HUM**	sp|A6NL28-2|TPM3L_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	1.32
328	51639	**SF3B14**	sp|Q9Y3B4|PM14_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	1.54
329	23450	**SF3B3**	sp|Q15393|SF3B3_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	-0.22
330	1153	**CIRBP**	sp|Q14011|CIRBP_HUMAN	2	0.18	0.17	0.05	0.05	0.69
331	54623	**PAF1**	sp|Q8N7H5-2|PAF1_HUMAN	1	0.19	0.2	0.04	0.05	0.29

332	3615	**IMPDH2**	sp|P12268|IMDH2_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.68
333	11316	**COPE**	sp|O14579|COPE_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.97
334	53615	**MBD3**	sp|O95983-2|MBD3_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	0.45
335	8473	**OGT**	sp|O15294-2|OGT1_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.74
336	10642	**IGF2BP1**	sp|Q9NZI8|IF2B1_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	0.94
337	5520	**PPP2R2A**	sp|P63151|2ABA_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.36
338	5688	**PSMA7**	sp|O14818|PSA7_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	1.5
339	9208	**LRRFIP1**	sp|Q32MZ4-2|LRRF1_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.94
340	3837	**KPNB1**	sp|Q14974|IMB1_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.38
341	9861	**PSMD6**	sp|Q15008|PSMD6_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.61
342	10946	**SF3A3**	sp|Q12874|SF3A3_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.77
343	4666	**NACA**	sp|Q13765|NACA_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	1.33
344	873	**CBR1**	sp|P16152|CBR1_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	0.81
345	7314	**UBB**	sp|P0CG47|UBB_HUMAN	3	0.21	0.21	0.05	0.05	0.08
346	5710	**PSMD4**	sp|P55036|PSMD4_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.35
347	7407	**VARS**	sp|P26640|SYVC_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.32
348	5805	**PTS**	sp|Q03393|PTPS_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.75
349	4085	**MAD2L1**	sp|Q13257|MD2L1_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	0.96
350	6434	**TRA2B**	sp|P62995-3|TRA2B_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	1.6
351	5516	**PPP2CB**	sp|P62714|PP2AB_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	0.75
352	8335	**HIST1H2AB**	sp|P04908|H2A1B_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.59
353	103910	**MYL12B**	sp|O14950|ML12B_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	1.15
354	5162	**PDHB**	sp|P11177-2|ODPB_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.6
355	6633	**SNRPD2**	sp|P62316|SMD2_HUMAN	2	0.19	0.19	0.05	0.05	0.11
356	6234	**RPS28**	sp|P62857|RS28_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	1.92
357	9043	**SPAG9**	sp|O60271-2|JIP4_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.86
358	4841	**NONO**	sp|Q15233|NONO_HUMAN	2	0.2	0.19	0.06	0.05	1
359	10460	**TACC3**	sp|Q9Y6A5|TACC3_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.98
360	5691	**PSMB3**	sp|P49720|PSB3_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	1.29
361	10165	**SLC25A13**	sp|Q9UJS0|CMC2_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.23
362	8665	**EIF3F**	sp|O00303|EIF3F_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.26
363	1457	**CSNK2A1**	sp|P68400|CSK21_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.34
364	4361	**MRE11A**	sp|P49959-2|MRE11_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	1.6
365	5832	**ALDH18A1**	sp|P54886-2|P5CS_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	0.88
366	27336	**HTATSF1**	sp|O43719|HTSF1_HUMAN	1	0.16	0.22	0.04	0.05	-0.07
367	9410	**SNRNP40**	sp|Q96DI7|SNR40_HUMAN	1	0.15	0.15	0.05	0.05	0.43
368	1854	**DUT**	sp|P33316-2|DUT_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	1.12

369	4174	**MCM5**	sp|P33992|MCM5_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	0.72
370	8520	**HAT1**	sp|O14929-2|HAT1_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.77
371	29074	**MRPL18**	sp|Q9H0U6|RM18_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.74
372	6185	**RPN2**	sp|P04844|RPN2_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.42
373	4000	**LMNA**	sp|P02545-2|LMNA_HUMAN	1	0.21	0.21	0.05	0.05	0.42
374	1984	**EIF5A**	sp|P63241-2|IF5A1_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	0.09
375	871	**SERPINH1**	sp|P50454|SERPH_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.31
376	9688	**NUP93**	sp|Q8N1F7|NUP93_HUMAN	1	0.22	0.22	0.05	0.05	0.32
377	11047	**ADRM1**	sp|Q16186|ADRM1_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.84
378	7532	**YWHAG**	sp|P61981|1433G_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.13
379	7531	**YWHAE**	sp|P62258-2|1433E_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.16
380	10131	**TRAP1**	sp|Q12931|TRAP1_HUMAN	2	0.16	0.16	0.04	0.04	0.23
381	63929	**XPNPEP3**	sp|Q9NQH7-2|XPP3_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	1.35
382	10801	**9-Sep**	sp|Q9UHD8-2|SEPT9_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	0.39
383	292	**SLC25A5**	sp|P05141|ADT2_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.59
384	9588	**PRDX6**	sp|P30041|PRDX6_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.29
385	4637	**MYL6**	sp|P60660-2|MYL6_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0.26
386	7001	**PRDX2**	sp|P32119|PRDX2_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.42
387	6223	**RPS19**	sp|P39019|RS19_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.32
388	55291	**PPP6R3**	sp|Q5H9R7-2|PP6R3_HUMAN	1	0.18	0.19	0.04	0.04	0.12
389	3646	**EIF3E**	sp|P60228|EIF3E_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.84
390	4691	**NCL**	sp|P19338|NUCL_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	-0.35
391	51726	**DNAJB11**	sp|Q9UBS4|DJB11_HUMAN	1	0.18	0.19	0.04	0.04	0.24
392	4673	**NAP1L1**	sp|P55209|NP1L1_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	0.71
393	4904	**YBX1**	sp|P67809|YBOX1_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.36
394	6647	**SOD1**	sp|P00441|SODC_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.89
395	4082	**MARCKS**	sp|P29966|MARCS_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.92
396	83473	**KATNAL2**	sp|Q8IYT4-2|KATL2_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0.29
397	81	**ACTN4**	sp|O43707|ACTN4_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.43
398	5714	**PSMD8**	sp|P48556|PSMD8_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.66
399	10521	**DDX17**	sp|Q92841-2|DDX17_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.18
400	1654	**DDX3X**	sp|O00571|DDX3X_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	0.23
401	3181	**HNRNPA2B**	sp|P22626-2|ROA2_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	-0.07
402	3178	**HNRNPA1**	sp|P09651-2|ROA1_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	0.39
403	5202	**PFDN2**	sp|Q9UHV9|PFD2_HUMAN	1	0.15	0.16	0.03	0.04	0.02
404	6627	**SNRPA1**	sp|P09661|RU2A_HUMAN	1	0.14	0.14	0.04	0.04	0.23
405	5704	**PSMC4**	sp|P43686-2|PRS6B_HUMAN	1	0.16	0.15	0.04	0.04	0.23

406	6737	**TRIM21**	sp|P19474|RO52_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.56
407	7175	**TPR**	sp|P12270|TPR_HUMAN	2	0.18	0.18	0.04	0.04	0.18
408	57683	**ZDBF2**	sp|Q9HCK1|ZDBF2_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.38
409	6206	**RPS12**	sp|P25398|RS12_HUMAN	1	0.13	0.13	0.04	0.04	-0.21
410	3945	**LDHB**	sp|P07195|LDHB_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	0.03
411	56945	**MRPS22**	sp|P82650|RT22_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	0.62
412	10728	**PTGES3**	sp|Q15185|TEBP_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0.97
413	10294	**DNAJA2**	sp|O60884|DNJA2_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.37
414	204	**AK2**	sp|P54819-2|KAD2_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.72
415	5690	**PSMB2**	sp|P49721|PSB2_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.89
416	6632	**SNRPD1**	sp|P62314|SMD1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.04	0.04	-0.2
417	7167	**TPI1**	sp|P60174-2|TPIS_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.14
418	5033	**P4HA1**	sp|P13674-2|P4HA1_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.59
419	25902	**MTHFD1L**	sp|Q6UB35|C1TM_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.51
420	1476	**CSTB**	sp|P04080|CYTB_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	1.4
421	5902	**RANBP1**	sp|P43487|RANG_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.85
422	10856	**RUVBL2**	sp|Q9Y230|RUVB2_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.21
423	10128	**LRPPRC**	sp|P42704|LPPRC_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0
424	6921	**TCEB1**	sp|Q15369|ELOC_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.75
425	6767	**ST13**	sp|P50502|F10A1_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.55
426	55037	**PTCD3**	sp|Q96EY7|PTCD3_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.72
427	4670	**HNRNPM**	sp|P52272-2|HNRPM_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	0.2
428	7520	**XRCC5**	sp|P13010|XRCC5_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	-0.03
429	85313	**PPIL4**	sp|Q8WUA2|PPIL4_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.33
430	1503	**CTPS**	sp|P17812|PYRG1_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.15
431	9785	**DHX38**	sp|Q92620|PRP16_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	-0.12
432	9128	**PRPF4**	sp|O43172-2|PRP4_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	1.09
433	10963	**STIP1**	sp|P31948|STIP1_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.28
434	10213	**PSMD14**	sp|O00487|PSDE_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.63
435	57606	**SLAIN2**	sp|Q9P270|SLAI2_HUMAN	1	0.14	0.14	0.04	0.04	-0.22
436	5955	**RCN2**	sp|Q14257|RCN2_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.04	-0.44
437	6748	**SSR4**	sp|P51571|SSRD_HUMAN	1	0.13	0.13	0.04	0.04	-0.23
438	6117	**RPA1**	sp|P27694|RFA1_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	1.45
439	5495	**PPM1B**	sp|O75688-2|PPM1B_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	-0.9
440	85440	**DOCK7**	sp|Q96N67-2|DOCK7_HUMAN	1	0.15	0.14	0.04	0.04	-0.08
441	9349	**RPL23**	sp|P62829|RL23_HUMAN	2	0.16	0.16	0.04	0.04	-0.34
442	6421	**SFPQ**	sp|P23246-2|SFPQ_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	0.72

443	5518	**PPP2R1A**	sp|P30153|2AAA_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.27
444	3183	**HNRNPC**	sp|P07910-2|HNRPC_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.1
445	80086	**TUBA4B**	sp|Q9H853|TBA4B_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.52
446	6191	**RPS4X**	sp|P62701|RS4X_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.38
447	6472	**SHMT2**	sp|P34897|GLYM_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.08
448	7534	**YWHAZ**	sp|P63104|1433Z_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.59
449	85236	**HIST1H2BK**	sp|O60814|H2B1K_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.31
450	829	**CAPZA1**	sp|P52907|CAZA1_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.07
451	5209	**PFKFB3**	sp|Q16875-2|F263_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.66
452	9131	**AIFM1**	sp|O95831-3|AIFM1_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.76
453	6745	**SSR1**	sp|P43307-2|SSRA_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	0.13
454	8243	**SMC1A**	sp|Q14683|SMC1A_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.17
455	3799	**KIF5B**	sp|P33176|KINH_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.01
456	10130	**PDIA6**	sp|Q15084-2|PDIA6_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	-0.21
457	3856	**KRT8**	sp|P05787|K2C8_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.27
458	220988	**HNRNPA3**	sp|P51991-2|ROA3_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	0.23
459	8666	**EIF3G**	sp|O75821|EIF3G_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-1.04
460	7453	**WARS**	sp|P23381-2|SYWC_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.53
461	6500	**SKP1**	sp|P63208|SKP1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.37
462	10262	**SF3B4**	sp|Q15427|SF3B4_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	0.32
463	134147	**CMBL**	sp|Q96DG6|CMBL_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-1.11
464	10051	**SMC4**	sp|Q9NTJ3|SMC4_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.05
465	3251	**HPRT1**	sp|P00492|HPRT_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.09
466	6182	**MRPL12**	sp|P52815|RM12_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.41
467	5692	**PSMB4**	sp|P28070|PSB4_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	0.02
468	2058	**EPRS**	sp|P07814|SYEP_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-0.96
469	682	**BSG**	sp|P35613-2|BASI_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	-0.01
470	3192	**HNRNPU**	sp|Q00839-2|HNRPU_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.52
471	4942	**OAT**	sp|P04181|OAT_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.25
472	8370	**HIST2H4A**	sp|P62805|H4_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.38
473	10526	**IPO8**	sp|O15397|IPO8_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.75
474	6187	**RPS2**	sp|P15880|RS2_HUMAN	1	0.12	0.13	0.03	0.03	-0.42
475	4678	**NASP**	sp|P49321-3|NASP_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	0.02
476	23136	**EPB41L3**	sp|Q9Y2J2-2|E41L3_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	-0.05
477	5464	**PPA1**	sp|Q15181|IPYR_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.19
478	26292	**MYCBP**	sp|Q99417|MYCBP_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.22
479	10291	**SF3A1**	sp|Q15459|SF3A1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.13

480	3054	**HCFC1**	sp|P51610-2|HCFC1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.33
481	26986	**PABPC1**	sp|P11940-2|PABP1_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.15
482	57662	**KIAA1543**	sp|Q9P1Y5-2|CAMP3_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.49
483	257397	**TAB3**	sp|Q8N5C8-2|TAB3_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.06
484	26135	**SERBP1**	sp|Q8NC51-2|PAIRB_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.15
485	6637	**SNRPG**	sp|A8MWD9|RUXGL_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.25
486	6636	**SNRPF**	sp|P62306|RUXF_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.54
487	6418	**SET**	sp|Q01105-2|SET_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.04
488	6635	**SNRPE**	sp|P62304|RUXE_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.12
489	5686	**PSMA5**	sp|P28066|PSA5_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.24
490	5917	**RARS**	sp|P54136-2|SYRC_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.5
491	4173	**MCM4**	sp|P33991|MCM4_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.09
492	5110	**PCMT1**	sp|P22061-2|PIMT_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	0.16
493	6741	**SSB**	sp|P05455|LA_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.03
494	23318	**ZCCHC11**	sp|Q5TAX3-2|TUT4_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.68
495	2618	**GART**	sp|P22102-2|PUR2_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.26
496	6634	**SNRPD3**	sp|P62318|SMD3_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.27
497	5478	**PPIA**	sp|P62937|PPIA_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-0.49
498	3735	**KARS**	sp|Q15046-2|SYK_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.3
499	5683	**PSMA2**	sp|P25787|PSA2_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.04

	GeneID	Symbol	Database ID	Ave.APSM	S^N_Score	WS^N_Score	D^N_Score	WD^N_Score	Z_score
1	**51622**	**CCZ1**	**sp|P86790|CCZ1L_HUMAN**	**469**	**18.31**	**17.68**	**30.62**	**30.62**	**7.42**
2	**29919**	**C18orf8**	**sp|Q96DM3|MIC1_HUMAN**	**13**	**3.05**	**2.94**	**5.1**	**5.1**	**7.42**
3	**22879**	**MON1B**	**sp|Q7L1V2|MON1B_HUMAN**	**13**	**3.05**	**2.94**	**5.1**	**5.1**	**7.42**
4	**84315**	**MON1A**	**sp|Q86VX9|MON1A_HUMAN**	**12**	**2.93**	**2.83**	**4.9**	**4.9**	**7.42**
5	**170506**	**DHX36**	**sp|Q9H2U1-2|DHX36_HUMAN**	**6**	**2.07**	**2**	**3.46**	**3.46**	**7.46**
6	**22929**	**SEPHS1**	**sp|P49903|SPS1_HUMAN**	**2**	**1.2**	**1.15**	**2**	**2**	**7.54**
7	**25819**	**CCRN4L**	**sp|Q9UK39|NOCT_HUMAN**	**1**	**0.85**	**0.82**	**1.41**	**1.41**	**7.54**
8	**55165**	**CEP55**	**sp|Q53EZ4|CEP55_HUMAN**	**1**	**0.85**	**0.82**	**1.41**	**1.41**	**7.54**
9	**55086**	**CXorf57**	**sp|Q6NSI4|CX057_HUMAN**	**2**	**0.85**	**0.82**	**1**	**1**	**6.72**
10	3306	**HSPA2**	sp|P54652|HSP72_HUMAN	13	1.24	1.2	0.85	0.85	2.12
11	10994	**ILVBL**	sp|A1L0T0|ILVBL_HUMAN	2	0.6	0.58	0.5	0.5	5.62
12	8500	**PPFIA1**	sp|Q13136-2|LIPA1_HUMAN	1	0.49	0.47	0.47	0.47	4.13
13	54850	**FBXL12**	sp|Q9NXK8-2|FXL12_HUMAN	1	0.49	0.47	0.47	0.47	4.13
14	79691	**QTRTD1**	sp|Q9H974|QTRD1_HUMAN	3	0.6	0.58	0.41	0.41	4.07
15	4548	**MTR**	sp|Q99707|METH_HUMAN	2	0.53	0.52	0.4	0.4	5.25
16	8237	**USP11**	sp|P51784|UBP11_HUMAN	3	0.49	0.53	0.27	0.35	2.1
17	10273	**STUB1**	sp|Q9UNE7|CHIP_HUMAN	4	0.53	0.56	0.28	0.33	1.15
18	10939	**AFG3L2**	sp|Q9Y4W6|AFG32_HUMAN	2	0.36	0.45	0.18	0.3	0.34
19	6749	**SSRP1**	sp|Q08945|SSRP1_HUMAN	2	0.45	0.44	0.29	0.29	4.65
20	23197	**FAF2**	sp|Q96CS3|FAF2_HUMAN	1	0.3	0.36	0.18	0.28	0.27
21	266971	**PIPSL**	sp|A2A3N6|PIPSL_HUMAN	1	0.38	0.37	0.28	0.28	2.47
22	10382	**TUBB4**	sp|P04350|TBB4_HUMAN	26	0.79	0.76	0.24	0.24	0.46
23	160428	**ALDH1L2**	sp|Q3SY69-3|AL1L2_HUMAN	1	0.34	0.33	0.24	0.24	0.81
24	8471	**IRS4**	sp|O14654|IRS4_HUMAN	7	0.54	0.52	0.22	0.22	3.04
25	2746	**GLUD1**	sp|P00367|DHE3_HUMAN	2	0.4	0.38	0.22	0.22	3.77
26	2956	**MSH6**	sp|P52701|MSH6_HUMAN	5	0.45	0.46	0.18	0.2	1.03
27	3312	**HSPA8**	sp|P11142|HSP7C_HUMAN	57	0.85	0.82	0.19	0.19	1.03
28	7846	**TUBA1A**	sp|Q71U36|TBA1A_HUMAN	29	0.71	0.69	0.19	0.19	0.45
29	9296	**ATP6V1F**	sp|Q16864|VATF_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
30	5634	**PRPS2**	sp|P11908-2|PRPS2_HUMAN	4	0.44	0.42	0.19	0.19	1.6
31	55684	**C9orf86**	sp|Q3YEC7-2|PARF_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
32	27304	**MOCS3**	sp|O95396|MOCS3_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
33	7576	**ZNF28**	sp|P17035-2|ZNF28_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
34	222229	**LRWD1**	sp|Q9UFC0|LRWD1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
35	55717	**WDR11**	sp|Q9BZH6|WDR11_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
36	10009	**ZBTB33**	sp|Q86T24|KAISO_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
37	582	**BBS1**	sp|Q8NFJ9-2|BBS1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54

38	6907	**TBL1X**	sp|O60907-2|TBL1X_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
39	116113	**FOXP4**	sp|Q8IVH2|FOXP4_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
40	65082	**VPS33A**	sp|Q96AX1|VP33A_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
41	7398	**USP1**	sp|O94782|UBP1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
42	824	**CAPN2**	sp|P17655|CAN2_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
43	90293	**KLHL13**	sp|Q9P2N7-2|KLH13_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
44	1387	**CREBBP**	sp|Q92793|CBP_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
45	200081	**TXLNA**	sp|P40222|TXLNA_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
46	3304	**HSPA1B**	sp|P08107|HSP71_HUMAN	50	0.79	0.76	0.18	0.18	0.5
47	3868	**KRT16**	sp|P08779|K1C16_HUMAN	3	0.35	0.38	0.14	0.18	0.13
48	9531	**BAG3**	sp|O95817|BAG3_HUMAN	1	0.3	0.29	0.18	0.18	2.46
49	7280	**TUBB2A**	sp|Q13885|TBB2A_HUMAN	26	0.68	0.66	0.18	0.18	0.21
50	1642	**DDB1**	sp|Q16531|DDB1_HUMAN	4	0.28	0.4	0.08	0.17	-0.17
51	7415	**VCP**	sp|P55072|TERA_HUMAN	9	0.35	0.49	0.08	0.17	-0.35
52	9319	**TRIP13**	sp|Q15645|PCH2_HUMAN	2	0.34	0.33	0.17	0.17	2.77
53	391634	**HSP90AB2P**	sp|Q58FF8|H90B2_HUMAN	4	0.4	0.38	0.16	0.16	1.69
54	10808	**HSPH1**	sp|Q92598-3|HS105_HUMAN	12	0.47	0.51	0.13	0.16	1.17
55	117159	**DCD**	sp|P81605|DCD_HUMAN	1	0.28	0.27	0.16	0.16	2.27
56	219	**ALDH1B1**	sp|P30837|AL1B1_HUMAN	1	0.28	0.27	0.16	0.16	1.06
57	10419	**PRMT5**	sp|O14744|ANM5_HUMAN	31	0.64	0.62	0.15	0.15	-0.46
58	476	**ATP1A1**	sp|P05023|AT1A1_HUMAN	8	0.35	0.45	0.09	0.15	0.2
59	11198	**SUPT16H**	sp|Q9Y5B9|SP16H_HUMAN	2	0.33	0.32	0.15	0.15	2.06
60	10376	**TUBA1B**	sp|P68363|TBA1B_HUMAN	31	0.64	0.62	0.15	0.15	0.34
61	84790	**TUBA1C**	sp|Q9BQE3|TBA1C_HUMAN	21	0.59	0.57	0.15	0.15	0.08
62	10399	**GNB2L1**	sp|P63244|GBLP_HUMAN	5	0.41	0.4	0.15	0.15	2.71
63	10383	**TUBB2C**	sp|P68371|TBB2C_HUMAN	30	0.66	0.63	0.15	0.15	0.28
64	488	**ATP2A2**	sp|P16615-2|AT2A2_HUMAN	2	0.22	0.32	0.07	0.15	-0.09
65	3305	**HSPA1L**	sp|P34931|HS71L_HUMAN	26	0.6	0.58	0.14	0.14	0.56
66	2316	**FLNA**	sp|P21333-2|FLNA_HUMAN	30	0.62	0.6	0.14	0.14	-0.76
67	3832	**KIF11**	sp|P52732|KIF11_HUMAN	11	0.45	0.47	0.12	0.14	-0.13
68	169981	**SPIN3**	sp|Q5JUX0|SPIN3_HUMAN	4	0.38	0.37	0.14	0.14	0.77
69	11329	**STK38**	sp|Q15208|STK38_HUMAN	27	0.61	0.59	0.14	0.14	0.16
70	5636	**PRPSAP2**	sp|O60256|KPRB_HUMAN	2	0.32	0.31	0.14	0.14	0.31
71	203068	**TUBB**	sp|P07437|TBB5_HUMAN	34	0.65	0.63	0.14	0.14	0.07
72	84617	**TUBB6**	sp|Q9BUF5|TBB6_HUMAN	13	0.51	0.49	0.14	0.14	0.37
73	5631	**PRPS1**	sp|P60891|PRPS1_HUMAN	5	0.39	0.38	0.14	0.14	1.4
74	7086	**TKT**	sp|P29401|TKT_HUMAN	2	0.32	0.31	0.14	0.14	1.63
75	10797	**MTHFD2**	sp|P13995|MTDC_HUMAN	1	0.27	0.26	0.14	0.14	1.84
76	5203	**PFDN4**	sp|Q9NQP4|PFD4_HUMAN	1	0.23	0.25	0.11	0.13	0.47

77	23384	**SPECC1L**	sp|Q69YQ0|CYTSA_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
78	4522	**MTHFD1**	sp|P11586|C1TC_HUMAN	5	0.38	0.37	0.13	0.13	3.11
79	8815	**BANF1**	sp|O75531|BAF_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
80	22824	**HSPA4L**	sp|O95757|HS74L_HUMAN	9	0.44	0.43	0.13	0.13	0.98
81	3308	**HSPA4**	sp|P34932|HSP74_HUMAN	20	0.55	0.53	0.13	0.13	0.98
82	4763	**NF1**	sp|P21359-2|NF1_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
83	2201	**FBN2**	sp|P35556|FBN2_HUMAN	1	0.49	0.56	0.11	0.13	0.35
84	26993	**AKAP8L**	sp|Q9ULX6|AKP8L_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
85	22930	**RAB3GAP1**	sp|Q15042|RB3GP_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
86	54832	**VPS13C**	sp|Q709C8-2|VP13C_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
87	57414	**RHBDD2**	sp|Q6NTF9|RHBD2_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
88	3310	**HSPA6**	sp|P17066|HSP76_HUMAN	18	0.5	0.49	0.12	0.12	1.11
89	79734	**KCTD17**	sp|Q8N5Z5-2|KCD17_HUMAN	4	0.35	0.33	0.12	0.12	-0.09
90	79084	**WDR77**	sp|Q9BQA1|MEP50_HUMAN	20	0.52	0.5	0.12	0.12	0.06
91	6510	**SLC1A5**	sp|Q15758|AAAT_HUMAN	1	0.21	0.24	0.09	0.12	0.26
92	1460	**CSNK2B**	sp|P67870|CSK2B_HUMAN	2	0.3	0.29	0.12	0.12	1.75
93	9898	**UBAP2L**	sp|Q14157-1|UBP2L_HUMAN	1	0.42	0.53	0.09	0.12	0.19
94	89941	**RHOT2**	sp|Q8IXI1|MIRO2_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	2.91
95	10694	**CCT8**	sp|P50990|TCPQ_HUMAN	19	0.49	0.48	0.11	0.11	-0.07
96	7203	**CCT3**	sp|P49368|TCPG_HUMAN	18	0.48	0.47	0.11	0.11	0.01
97	4627	**MYH9**	sp|P35579|MYH9_HUMAN	14	0.45	0.44	0.11	0.11	1.7
98	372	**ARCN1**	sp|P48444|COPD_HUMAN	3	0.31	0.3	0.11	0.11	2.21
99	8241	**RBM10**	sp|P98175-2|RBM10_HUMAN	14	0.45	0.44	0.11	0.11	-0.26
100	6520	**SLC3A2**	sp|P08195-2|4F2_HUMAN	3	0.31	0.3	0.11	0.11	1.51
101	7520	**XRCC5**	sp|P13010|XRCC5_HUMAN	3	0.31	0.3	0.11	0.11	0.85
102	54442	**KCTD5**	sp|Q9NXV2|KCTD5_HUMAN	4	0.33	0.32	0.11	0.11	-0.08
103	23193	**GANAB**	sp|Q14697-2|GANAB_HUMAN	2	0.26	0.27	0.1	0.11	0.69
104	2027	**ENO3**	sp|P13929-2|ENOB_HUMAN	2	0.28	0.27	0.11	0.11	1.02
105	79596	**RNF219**	sp|Q5W0B1|RN219_HUMAN	3	0.31	0.3	0.11	0.11	1.37
106	93436	**ARMC6**	sp|Q6NXE6-2|ARMC6_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	2.91
107	6950	**TCP1**	sp|P17987|TCPA_HUMAN	21	0.51	0.5	0.11	0.11	0.14
108	5431	**POLR2B**	sp|P30876|RPB2_HUMAN	1	0.2	0.23	0.08	0.11	0.38
109	1975	**EIF4B**	sp|P23588|IF4B_HUMAN	12	0.44	0.42	0.11	0.11	-0.28
110	55847	**CISD1**	sp|Q9NZ45|CISD1_HUMAN	1	0.42	0.47	0.09	0.11	0.65
111	131474	**CHCHD4**	sp|Q8N4Q1-2|MIA40_HUMAN	2	0.28	0.27	0.11	0.11	0.99
112	377	**ARF3**	sp|P61204|ARF3_HUMAN	2	0.27	0.26	0.11	0.11	1.84
113	55720	**TSR1**	sp|Q2NL82|TSR1_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
114	27183	**VPS4A**	sp|Q9UN37|VPS4A_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	2.12
115	89891	**WDR34**	sp|Q96EX3|WDR34_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13

116	7372	**UMPS**	sp|P11172|UMPS_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
117	79892	**MCMBP**	sp|Q9BTE3-2|MCMBP_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
118	7957	**EPM2A**	sp|O95278-2|EPM2A_HUMAN	1	0.23	0.23	0.11	0.11	1.08
119	118460	**EXOSC6**	sp|Q5RKV6|EXOS6_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
120	26504	**CNNM4**	sp|Q6P4Q7|CNNM4_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
121	22818	**COPZ1**	sp|P61923|COPZ1_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
122	150472	**CBWD2**	sp|Q8IUF1|CBWD2_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
123	79184	**BRCC3**	sp|P46736-2|BRCC3_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
124	3309	**HSPA5**	sp|P11021|GRP78_HUMAN	17	0.47	0.45	0.1	0.1	0.1
125	2194	**FASN**	sp|P49327|FAS_HUMAN	8	0.35	0.37	0.09	0.1	0.4
126	3849	**KRT2**	sp|P35908|K22E_HUMAN	13	0.42	0.41	0.1	0.1	0.73
127	144097	**C11orf84**	sp|Q9BUA3|CK084_HUMAN	11	0.4	0.39	0.1	0.1	0.12
128	10574	**CCT7**	sp|Q99832|TCPH_HUMAN	16	0.45	0.43	0.1	0.1	0
129	10575	**CCT4**	sp|P50991|TCPD_HUMAN	15	0.44	0.42	0.1	0.1	-0.19
130	10927	**SPIN1**	sp|Q9Y657|SPIN1_HUMAN	11	0.41	0.39	0.1	0.1	0.47
131	23527	**ACAP2**	sp|Q15057|ACAP2_HUMAN	3	0.29	0.28	0.1	0.1	0.89
132	10576	**CCT2**	sp|P78371|TCPB_HUMAN	16	0.45	0.44	0.1	0.1	-0.22
133	23510	**KCTD2**	sp|Q14681|KCTD2_HUMAN	3	0.3	0.29	0.1	0.1	0.27
134	51479	**ANKFY1**	sp|Q9P2R3-2|ANFY1_HUMAN	11	0.42	0.4	0.1	0.1	-0.06
135	79568	**C2orf47**	sp|Q8WWC4|CB047_HUMAN	1	0.32	0.44	0.07	0.1	0.08
136	55746	**NUP133**	sp|Q8WUM0|NU133_HUMAN	1	0.23	0.22	0.1	0.1	1.36
137	7411	**VBP1**	sp|P61758|PFD3_HUMAN	1	0.21	0.22	0.09	0.1	0.25
138	873	**CBR1**	sp|P16152|CBR1_HUMAN	1	0.23	0.22	0.1	0.1	0.81
139	226	**ALDOA**	sp|P04075|ALDOA_HUMAN	2	0.25	0.24	0.09	0.09	1.12
140	3858	**KRT10**	sp|P13645|K1C10_HUMAN	12	0.4	0.38	0.09	0.09	0.25
141	3848	**KRT1**	sp|P04264|K2C1_HUMAN	12	0.39	0.38	0.09	0.09	-0.23
142	54953	**C1orf27**	sp|Q5SWX8-2|ODR4_HUMAN	1	0.22	0.21	0.09	0.09	0.37
143	70	**ACTC1**	sp|P68032|ACTC_HUMAN	4	0.29	0.28	0.09	0.09	-0.06
144	908	**CCT6A**	sp|P40227|TCPZ_HUMAN	13	0.41	0.4	0.09	0.09	0.08
145	4628	**MYH10**	sp|P35580-2|MYH10_HUMAN	7	0.35	0.33	0.09	0.09	0.98
146	5111	**PCNA**	sp|P12004|PCNA_HUMAN	5	0.31	0.3	0.09	0.09	0.8
147	3313	**HSPA9**	sp|P38646|GRP75_HUMAN	14	0.42	0.41	0.09	0.09	-0.08
148	23012	**STK38L**	sp|Q9Y2H1|ST38L_HUMAN	9	0.37	0.36	0.09	0.09	-0.25
149	55750	**AGK**	sp|Q53H12|AGK_HUMAN	1	0.22	0.21	0.09	0.09	0.48
150	55749	**CCAR1**	sp|Q8IX12-2|CCAR1_HUMAN	2	0.26	0.25	0.09	0.09	0.78
151	5202	**PFDN2**	sp|Q9UHV9|PFD2_HUMAN	3	0.26	0.28	0.08	0.09	1.09
152	9747	**FAM115A**	sp|Q9Y4C2-2|F115A_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
153	10625	**IVNS1ABP**	sp|Q9Y6Y0|NS1BP_HUMAN	6	0.33	0.32	0.09	0.09	0.48
154	10357	**HMGB1P1**	sp|B2RPK0|HGB1A_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58

155	84263	**HSDL2**	sp|Q6YN16-2|HSDL2_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
156	10454	**TAB1**	sp|Q15750|TAB1_HUMAN	9	0.38	0.37	0.09	0.09	0.07
157	5033	**P4HA1**	sp|P13674-2|P4HA1_HUMAN	2	0.25	0.24	0.09	0.09	1.8
158	9529	**BAG5**	sp|Q9UL15-2|BAG5_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
159	1457	**CSNK2A1**	sp|P68400|CSK21_HUMAN	1	0.21	0.2	0.09	0.09	0.34
160	6059	**ABCE1**	sp|P61221|ABCE1_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
161	9810	**RNF40**	sp|O75150-3|BRE1B_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
162	5531	**PPP4C**	sp|P60510|PP4C_HUMAN	1	0.3	0.38	0.07	0.09	0.37
163	3320	**HSP90AA1**	sp|P07900-2|HS90A_HUMAN	10	0.37	0.35	0.08	0.08	0.6
164	3326	**HSP90AB1**	sp|P08238|HS90B_HUMAN	9	0.35	0.34	0.08	0.08	0.14
165	5209	**PFKFB3**	sp|Q16875-2|F263_HUMAN	5	0.3	0.29	0.08	0.08	0.38
166	1267	**CNP**	sp|P09543-2|CN37_HUMAN	2	0.36	0.35	0.08	0.08	1.79
167	26121	**PRPF31**	sp|Q8WWY3|PRP31_HUMAN	7	0.32	0.31	0.08	0.08	-0.41
168	6885	**MAP3K7**	sp|O43318-2|M3K7_HUMAN	6	0.32	0.31	0.08	0.08	0.35
169	2023	**ENO1**	sp|P06733|ENOA_HUMAN	4	0.25	0.28	0.06	0.08	0.26
170	11140	**CDC37**	sp|Q16543|CDC37_HUMAN	2	0.23	0.23	0.08	0.08	2.33
171	3301	**DNAJA1**	sp|P31689|DNJA1_HUMAN	5	0.3	0.29	0.08	0.08	1.17
172	9793	**CKAP5**	sp|Q14008-2|CKAP5_HUMAN	4	0.28	0.27	0.08	0.08	-0.09
173	10294	**DNAJA2**	sp|O60884|DNJA2_HUMAN	5	0.3	0.29	0.08	0.08	0.97
174	5515	**PPP2CA**	sp|P67775|PP2AA_HUMAN	1	0.34	0.33	0.08	0.08	1.44
175	1207	**CLNS1A**	sp|P54105|ICLN_HUMAN	8	0.35	0.34	0.08	0.08	-0.21
176	23112	**TNRC6B**	sp|Q9UPQ9-1|TNR6B_HUMAN	1	0.2	0.2	0.08	0.08	0.6
177	1825	**DSC3**	sp|Q14574-2|DSC3_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
178	4507	**MTAP**	sp|Q13126|MTAP_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
179	10540	**DCTN2**	sp|Q13561-2|DCTN2_HUMAN	3	0.2	0.26	0.05	0.08	-0.1
180	11051	**NUDT21**	sp|O43809|CPSF5_HUMAN	1	0.34	0.33	0.08	0.08	1.58
181	1503	**CTPS**	sp|P17812|PYRG1_HUMAN	1	0.2	0.19	0.08	0.08	0.15
182	400	**ARL1**	sp|P40616|ARL1_HUMAN	1	0.34	0.33	0.08	0.08	2.32
183	54039	**PCBP3**	sp|P57721-2|PCBP3_HUMAN	1	0.34	0.33	0.08	0.08	2.87
184	53918	**PELO**	sp|Q9BRX2|PELO_HUMAN	1	0.34	0.33	0.08	0.08	1.79
185	3838	**KPNA2**	sp|P52292|IMA2_HUMAN	2	0.24	0.24	0.08	0.08	1.26
186	9631	**NUP155**	sp|O75694-2|NU155_HUMAN	1	0.34	0.33	0.08	0.08	2.87
187	593	**BCKDHA**	sp|P12694|ODBA_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
188	100287932	**TIMM23**	sp|O14925|TIM23_HUMAN	1	0.34	0.33	0.08	0.08	2.87
189	1937	**EEF1G**	sp|P26641|EF1G_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	-0.14
190	6175	**RPLP0**	sp|P05388|RLA0_HUMAN	2	0.23	0.22	0.07	0.07	0.54
191	84188	**FAR1**	sp|Q8WVX9|FACR1_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
192	178	**AGL**	sp|P35573-2|GDE_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	-0.57
193	83732	**RIOK1**	sp|Q9BRS2|RIOK1_HUMAN	5	0.28	0.27	0.07	0.07	-0.39

194	22948	**CCT5**	sp|P48643|TCPE_HUMAN	8	0.32	0.31	0.07	0.07	-0.47
195	3857	**KRT9**	sp|P35527|K1C9_HUMAN	6	0.29	0.28	0.07	0.07	-0.24
196	10471	**PFDN6**	sp|O15212|PFD6_HUMAN	1	0.27	0.31	0.06	0.07	0.4
197	3251	**HPRT1**	sp|P00492|HPRT_HUMAN	2	0.22	0.21	0.07	0.07	0.86
198	8452	**CUL3**	sp|Q13618-2|CUL3_HUMAN	1	0.3	0.3	0.07	0.07	0.55
199	3185	**HNRNPF**	sp|P52597|HNRPF_HUMAN	3	0.26	0.25	0.07	0.07	0.63
200	1915	**EEF1A1**	sp|P68104|EF1A1_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	-0.24
201	6240	**RRM1**	sp|P23921|RIR1_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
202	5204	**PFDN5**	sp|Q99471|PFD5_HUMAN	1	0.24	0.29	0.05	0.07	0.4
203	5704	**PSMC4**	sp|P43686|PRS6B_HUMAN	2	0.23	0.22	0.07	0.07	1.2
204	23450	**SF3B3**	sp|Q15393|SF3B3_HUMAN	6	0.29	0.28	0.07	0.07	0.29
205	55858	**TMEM165**	sp|Q9HC07|TM165_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	1.22
206	224	**ALDH3A2**	sp|P51648-2|AL3A2_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	1.05
207	23118	**TAB2**	sp|Q9NYJ8|TAB2_HUMAN	3	0.25	0.24	0.07	0.07	1.15
208	2193	**FARSA**	sp|Q9Y285|SYFA_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.05
209	23157	**6-Sep**	sp|Q14141-2|SEPT6_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.15
210	23770	**FKBP8**	sp|Q14318-2|FKBP8_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	1.74
211	790	**CAD**	sp|P27708|PYR1_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	0.05
212	5034	**P4HB**	sp|P07237|PDIA1_HUMAN	1	0.18	0.28	0.04	0.07	-0.01
213	55747	**FAM21B**	sp|Q5SNT6|FA21B_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
214	3295	**HSD17B4**	sp|P51659|DHB4_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.05
215	2547	**XRCC6**	sp|P12956|XRCC6_HUMAN	3	0.25	0.24	0.07	0.07	0.4
216	654483	**BOLA2B**	sp|Q9H3K6-2|BOLA2_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.05
217	79869	**CPSF7**	sp|Q8N684-2|CPSF7_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
218	6748	**SSR4**	sp|P51571|SSRD_HUMAN	4	0.27	0.26	0.07	0.07	2.23
219	9141	**PDCD5**	sp|O14737|PDCD5_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.67
220	84284	**NTPCR**	sp|Q9BSD7|NTPCR_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	1.27
221	5707	**PSMD1**	sp|Q99460-2|PSMD1_HUMAN	4	0.24	0.24	0.06	0.06	0.15
222	3861	**KRT14**	sp|P02533|K1C14_HUMAN	2	0.2	0.2	0.06	0.06	-0.2
223	25939	**SAMHD1**	sp|Q9Y3Z3-2|SAMH1_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	0.72
224	708	**C1QBP**	sp|Q07021|C1QBP_HUMAN	5	0.25	0.24	0.06	0.06	0.47
225	60	**ACTB**	sp|P60709|ACTB_HUMAN	6	0.28	0.27	0.06	0.06	-0.59
226	8239	**USP9X**	sp|Q93008-1|USP9X_HUMAN	1	0.24	0.27	0.05	0.06	0.23
227	6921	**TCEB1**	sp|Q15369|ELOC_HUMAN	1	0.18	0.17	0.06	0.06	0.75
228	7385	**UQCRC2**	sp|P22695|QCR2_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	0.9
229	1938	**EEF2**	sp|P13639|EF2_HUMAN	4	0.24	0.24	0.06	0.06	0.14
230	3329	**HSPD1**	sp|P10809|CH60_HUMAN	6	0.28	0.27	0.06	0.06	-0.14
231	292	**SLC25A5**	sp|P05141|ADT2_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	0.2
232	5315	**PKM2**	tr|E7EUQ8|E7EUQ8_HUMAN	5	0.27	0.26	0.06	0.06	-0.19

233	10155	**TRIM28**	sp|Q13263-2|TIF1B_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	0.38
234	9967	**THRAP3**	sp|Q9Y2W1|TR150_HUMAN	4	0.25	0.24	0.06	0.06	-0.66
235	93664	**CADPS2**	sp|Q86UW7-2|CAPS2_HUMAN	1	0.18	0.17	0.06	0.06	0.03
236	6500	**SKP1**	tr|E5RI56|E5RI56_HUMAN	2	0.2	0.2	0.06	0.06	1.76
237	9131	**AIFM1**	sp|O95831-3|AIFM1_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	-0.01
238	1936	**EEF1D**	sp|P29692-2|EF1D_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	0.66
239	4697	**NDUFA4**	sp|O00483|NDUA4_HUMAN	1	0.17	0.17	0.06	0.06	0.72
240	23269	**MGA**	sp|Q8IWI9-2|MGAP_HUMAN	2	0.22	0.21	0.06	0.06	0.34
241	5494	**PPM1A**	sp|P35813-2|PPM1A_HUMAN	2	0.2	0.19	0.06	0.06	-0.39
242	6628	**SNRPB**	sp|P14678-2|RSMB_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	0.08
243	3187	**HNRNPH1**	sp|P31943|HNRH1_HUMAN	6	0.28	0.27	0.06	0.06	0.51
244	10992	**SF3B2**	sp|Q13435|SF3B2_HUMAN	2	0.19	0.2	0.05	0.06	0.07
245	3190	**HNRNPK**	sp|P61978-2|HNRPK_HUMAN	5	0.25	0.24	0.06	0.06	-0.47
246	10944	**C11orf58**	sp|O00193|SMAP_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.91
247	29920	**PYCR2**	sp|Q96C36|P5CR2_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	1.16
248	5685	**PSMA4**	sp|P25789|PSA4_HUMAN	2	0.2	0.19	0.06	0.06	0.44
249	5955	**RCN2**	sp|Q14257|RCN2_HUMAN	3	0.22	0.23	0.06	0.06	0.09
250	6632	**SNRPD1**	sp|P62314|SMD1_HUMAN	2	0.2	0.2	0.06	0.06	0.5
251	3396	**ICT1**	sp|Q14197|ICT1_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	0.66
252	1832	**DSP**	sp|P15924-2|DESP_HUMAN	1	0.23	0.24	0.05	0.06	0.3
253	7529	**YWHAB**	sp|P31946-2|1433B_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	0.51
254	4144	**MAT2A**	sp|P31153|METK2_HUMAN	2	0.2	0.2	0.06	0.06	0.26
255	10238	**DCAF7**	sp|P61962|DCAF7_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	0.76
256	6726	**SRP9**	sp|P49458|SRP09_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	2.03
257	2923	**PDIA3**	sp|P30101|PDIA3_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	0.69
258	257397	**TAB3**	sp|Q8N5C8-2|TAB3_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.96
259	57003	**CCDC47**	sp|Q96A33-2|CCD47_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.91
260	10972	**TMED10**	sp|P49755|TMEDA_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	1.61
261	10558	**SPTLC1**	sp|O15269|SPTC1_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.05
262	3843	**IPO5**	sp|O00410-2|IPO5_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	0.99
263	9276	**COPB2**	sp|P35606|COPB2_HUMAN	1	0.16	0.16	0.05	0.05	-0.15
264	6176	**RPLP1**	sp|P05386|RLA1_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	0.55
265	10606	**PAICS**	sp|P22234-2|PUR6_HUMAN	1	0.15	0.15	0.05	0.05	0.38
266	9043	**SPAG9**	sp|O60271-2|JIP4_HUMAN	1	0.2	0.2	0.05	0.05	0.86
267	5700	**PSMC1**	sp|P62191|PRS4_HUMAN	3	0.22	0.21	0.05	0.05	0.41
268	5702	**PSMC3**	sp|P17980|PRS6A_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	0.08
269	8667	**EIF3H**	sp|O15372|EIF3H_HUMAN	2	0.18	0.17	0.05	0.05	-0.42
270	821	**CANX**	sp|P27824|CALX_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	0.09
271	144455	**E2F7**	sp|Q96AV8-2|E2F7_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	0.19

272	2896	**GRN**	sp|P28799-2|GRN_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.68
273	54726	**OTUD4**	sp|Q01804-3|OTUD4_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	-0.49
274	293	**SLC25A6**	sp|P12236|ADT3_HUMAN	3	0.2	0.2	0.05	0.05	-0.28
275	9349	**RPL23**	sp|P62829|RL23_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	0.48
276	8661	**EIF3A**	sp|Q14152|EIF3A_HUMAN	3	0.2	0.19	0.05	0.05	-1.08
277	7453	**WARS**	sp|P23381-2|SYWC_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	-0.03
278	47	**ACLY**	sp|P53396|ACLY_HUMAN	2	0.22	0.21	0.05	0.05	0.3
279	10857	**PGRMC1**	sp|O00264|PGRC1_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	0.6
280	6745	**SSR1**	sp|P43307|SSRA_HUMAN	2	0.2	0.19	0.05	0.05	1.25
281	9774	**BCLAF1**	sp|Q9NYF8-2|BCLF1_HUMAN	3	0.21	0.21	0.05	0.05	-0.56
282	1072	**CFL1**	sp|P23528|COF1_HUMAN	2	0.18	0.17	0.05	0.05	0.51
283	5635	**PRPSAP1**	sp|Q14558-2|KPRA_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.08
284	8663	**EIF3C**	sp|Q99613|EIF3C_HUMAN	4	0.24	0.23	0.05	0.05	-0.57
285	6093	**ROCK1**	sp|Q13464|ROCK1_HUMAN	2	0.21	0.22	0.05	0.05	-0.06
286	5717	**PSMD11**	sp|O00231|PSD11_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.26
287	5701	**PSMC2**	sp|P35998|PRS7_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.07
288	7314	**UBB**	sp|P0CG47|UBB_HUMAN	3	0.21	0.21	0.05	0.05	0.08
289	5538	**PPT1**	sp|P50897|PPT1_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.88
290	1933	**EEF1B2**	sp|P24534|EF1B_HUMAN	3	0.2	0.19	0.05	0.05	-0.03
291	51386	**EIF3L**	sp|Q9Y262|EIF3L_HUMAN	4	0.24	0.23	0.05	0.05	-0.68
292	2597	**GAPDH**	sp|P04406|G3P_HUMAN	3	0.22	0.21	0.05	0.05	0.37
293	3920	**LAMP2**	sp|P13473-2|LAMP2_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	1.35
294	3276	**PRMT1**	sp|Q99873-2|ANM1_HUMAN	1	0.12	0.15	0.03	0.05	-0.48
295	5718	**PSMD12**	sp|O00232|PSD12_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	0.21
296	26227	**PHGDH**	sp|O43175|SERA_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.08
297	8662	**EIF3B**	sp|P55884-2|EIF3B_HUMAN	3	0.2	0.19	0.05	0.05	-0.92
298	TPM3L_HUM	**TPM3L_HUM**	sp|A6NL28-2|TPM3L_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	1.32
299	34	**ACADM**	sp|P11310-2|ACADM_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.02
300	213	**ALB**	sp|P02768-2|ALBU_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	1.16
301	10165	**SLC25A13**	sp|Q9UJS0|CMC2_HUMAN	1	0.2	0.2	0.05	0.05	0.23
302	7266	**DNAJC7**	sp|Q99615|DNJC7_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	0.26
303	5832	**ALDH18A1**	sp|P54886-2|P5CS_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	0.88
304	23107	**MRPS27**	sp|Q92552|RT27_HUMAN	1	0.2	0.2	0.05	0.05	0.87
305	2935	**GSPT1**	sp|P15170|ERF3A_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	1.4
306	27336	**HTATSF1**	sp|O43719|HTSF1_HUMAN	1	0.16	0.22	0.04	0.05	-0.07
307	10181	**RBM5**	sp|P52756|RBM5_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	0.71
308	10189	**THOC4**	sp|Q86V81|THOC4_HUMAN	1	0.2	0.2	0.05	0.05	0.28
309	5495	**PPM1B**	sp|O75688-2|PPM1B_HUMAN	3	0.21	0.21	0.05	0.05	-0.8
310	10526	**IPO8**	sp|O15397|IPO8_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	-0.52

311	4722	**NDUFS3**	sp|O75489|NDUS3_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.82
312	8520	**HAT1**	sp|O14929-2|HAT1_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.77
313	2017	**CTTN**	sp|Q14247|SRC8_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	1.03
314	1778	**DYNC1H1**	sp|Q14204|DYHC1_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	-0.74
315	1984	**EIF5A**	sp|P63241-2|IF5A1_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	0.09
316	1315	**COPB1**	sp|P53618|COPB_HUMAN	2	0.2	0.21	0.04	0.05	0.03
317	7407	**VARS**	sp|P26640|SYVC_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.32
318	5805	**PTS**	sp|Q03393|PTPS_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.75
319	1153	**CIRBP**	sp|Q14011|CIRBP_HUMAN	2	0.18	0.17	0.05	0.05	0.69
320	1434	**CSE1L**	sp|P55060-3|XPO2_HUMAN	1	0.2	0.2	0.05	0.05	0.51
321	506	**ATP5B**	sp|P06576|ATPB_HUMAN	3	0.2	0.2	0.05	0.05	-0.36
322	154796	**AMOT**	sp|Q4VCS5-2|AMOT_HUMAN	1	0.24	0.24	0.05	0.05	1.22
323	5693	**PSMB5**	sp|P28074|PSB5_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.35
324	6633	**SNRPD2**	sp|P62316|SMD2_HUMAN	2	0.19	0.19	0.05	0.05	0.11
325	2584	**GALK1**	sp|P51570|GALK1_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	0.58
326	5162	**PDHB**	sp|P11177-2|ODPB_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.6
327	8802	**SUCLG1**	sp|P53597|SUCA_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.87
328	871	**SERPINH1**	sp|P50454|SERPH_HUMAN	1	0.2	0.2	0.05	0.05	0.31
329	58477	**SRPRB**	sp|Q9Y5M8|SRPRB_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	1.03
330	51144	**HSD17B12**	sp|Q53GQ0|DHB12_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.63
331	5520	**PPP2R2A**	sp|P63151|2ABA_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.36
332	11316	**COPE**	sp|O14579|COPE_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.97
333	9879	**DDX46**	sp|Q7L014|DDX46_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	1.19
334	7531	**YWHAE**	sp|P62258-2|1433E_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.16
335	5052	**PRDX1**	sp|Q06830|PRDX1_HUMAN	2	0.16	0.16	0.04	0.04	-0.87
336	6188	**RPS3**	sp|P23396|RS3_HUMAN	3	0.2	0.19	0.04	0.04	-0.85
337	80086	**TUBA4B**	sp|Q9H853|TBA4B_HUMAN	2	0.19	0.18	0.04	0.04	-0.11
338	10480	**EIF3M**	sp|Q7L2H7|EIF3M_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.58
339	10594	**PRPF8**	sp|Q6P2Q9|PRP8_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	-0.55
340	6194	**RPS6**	sp|P62753|RS6_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.21
341	4637	**MYL6**	sp|P60660-2|MYL6_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0.26
342	55291	**PPP6R3**	sp|Q5H9R7-2|PP6R3_HUMAN	1	0.18	0.19	0.04	0.04	0.12
343	2969	**GTF2I**	sp|P78347-2|GTF2I_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.29
344	4176	**MCM7**	sp|P33993-2|MCM7_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.29
345	9093	**DNAJA3**	sp|Q96EY1-2|DNJA3_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0.52
346	4673	**NAP1L1**	sp|P55209|NP1L1_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	0.71
347	6647	**SOD1**	sp|P00441|SODC_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.89
348	4052	**LTBP1**	sp|Q14766-4|LTBP1_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.7
349	7534	**YWHAZ**	sp|P63104|1433Z_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	0.07

350	83473	**KATNAL2**	sp|Q8IYT4-2|KATL2_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0.29
351	498	**ATP5A1**	sp|P25705|ATPA_HUMAN	2	0.16	0.16	0.04	0.04	-0.97
352	5566	**PRKACA**	sp|P17612-2|KAPCA_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	1.45
353	6210	**RPS15A**	sp|P62244|RS15A_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	0.54
354	5705	**PSMC5**	sp|P62195|PRS8_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.4
355	3178	**HNRNPA1**	sp|P09651-2|ROA1_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	0.39
356	6181	**RPLP2**	sp|P05387|RLA2_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.11
357	92609	**TIMM50**	sp|Q3ZCQ8-2|TIM50_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.07
358	8668	**EIF3I**	sp|Q13347|EIF3I_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.85
359	9343	**EFTUD2**	sp|Q15029|U5S1_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.32
360	832	**CAPZB**	sp|P47756-2|CAPZB_HUMAN	1	0.15	0.17	0.03	0.04	0.06
361	57683	**ZDBF2**	sp|Q9HCK1|ZDBF2_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.38
362	3028	**HSD17B10**	sp|Q99714-2|HCD2_HUMAN	1	0.15	0.18	0.03	0.04	-0.3
363	103910	**MYL12B**	sp|O14950|ML12B_HUMAN	1	0.13	0.13	0.04	0.04	0.02
364	85313	**PPIL4**	sp|Q8WUA2|PPIL4_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.33
365	204	**AK2**	sp|P54819-2|KAD2_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.72
366	989	**7-Sep**	sp|Q16181-2|SEPT7_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.49
367	1738	**DLD**	sp|P09622|DLDH_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	1.24
368	10971	**YWHAQ**	sp|P27348|1433T_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.38
369	10075	**HUWE1**	sp|Q7Z6Z7-2|HUWE1_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.18
370	7273	**TTN**	sp|Q8WZ42-2|TITIN_HUMAN	2	0.2	0.19	0.04	0.04	0.98
371	5518	**PPP2R1A**	sp|P30153|2AAA_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.27
372	3945	**LDHB**	sp|P07195|LDHB_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	0.03
373	7532	**YWHAG**	sp|P61981|1433G_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.13
374	6767	**ST13**	sp|P50502|F10A1_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.55
375	8664	**EIF3D**	sp|O15371|EIF3D_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.77
376	4670	**HNRNPM**	sp|P52272-2|HNRPM_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	0.2
377	1476	**CSTB**	sp|P04080|CYTB_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	1.4
378	3336	**HSPE1**	sp|P61604|CH10_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.53
379	7167	**TPI1**	sp|P60174-2|TPIS_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.14
380	54994	**C20orf11**	sp|Q9NWU2|CT011_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.23
381	11171	**STRAP**	sp|Q9Y3F4|STRAP_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.47
382	7317	**UBA1**	sp|P22314|UBA1_HUMAN	1	0.15	0.16	0.03	0.04	-0.15
383	2130	**EWSR1**	sp|Q01844-2|EWS_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	1.21
384	3921	**RPSA**	sp|P08865|RSSA_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.36
385	9733	**SART3**	sp|Q15020|SART3_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	0.61
386	10963	**STIP1**	sp|P31948|STIP1_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.28
387	84844	**PHF5A**	sp|Q7RTV0|PHF5A_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	0.44
388	6208	**RPS14**	sp|P62263|RS14_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.17

389	4171	**MCM2**	sp|P49736|MCM2_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.07
390	4172	**MCM3**	sp|P25205|MCM3_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	-0.02
391	92597	**MOBKL1A**	sp|Q7L9L4|MOL1A_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.89
392	3030	**HADHA**	sp|P40939|ECHA_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	-0.05
393	4841	**NONO**	sp|Q15233|NONO_HUMAN	1	0.14	0.14	0.04	0.04	0.02
394	8665	**EIF3F**	sp|O00303|EIF3F_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.73
395	4853	**NOTCH2**	sp|Q04721|NOTC2_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.01
396	1152	**CKB**	sp|P12277|KCRB_HUMAN	1	0.15	0.16	0.03	0.04	-0.13
397	6418	**SET**	sp|Q01105-2|SET_HUMAN	1	0.15	0.14	0.04	0.04	0.04
398	9958	**USP15**	sp|Q9Y4E8-2|UBP15_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.67
399	8570	**KHSRP**	sp|Q92945-2|FUBP2_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	-0.07
400	139324	**HDX**	sp|Q7Z353-2|HDX_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.11
401	10801	**9-Sep**	sp|Q9UHD8-2|SEPT9_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	0.39
402	509	**ATP5C1**	sp|P36542-2|ATPG_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.38
403	5110	**PCMT1**	sp|P22061-2|PIMT_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	0.16
404	9532	**BAG2**	sp|O95816|BAG2_HUMAN	1	0.16	0.15	0.04	0.04	0.04
405	4735	**2-Sep**	sp|Q15019-2|SEPT2_HUMAN	1	0.15	0.14	0.04	0.04	0.04
406	5589	**PRKCSH**	sp|P14314|GLU2B_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.33
407	79861	**TUBAL3**	sp|A6NHL2-2|TBAL3_HUMAN	1	0.15	0.14	0.04	0.04	-0.23
408	6189	**RPS3A**	sp|P61247|RS3A_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.06
409	54814	**QPCTL**	sp|Q9NXS2|QPCTL_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	1.03
410	5683	**PSMA2**	sp|P25787|PSA2_HUMAN	1	0.14	0.14	0.04	0.04	-0.04
411	9918	**NCAPD2**	sp|Q15021|CND1_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	0.6
412	6204	**RPS10**	sp|P46783|RS10_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.17
413	9126	**SMC3**	sp|Q9UQE7|SMC3_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.41
414	5689	**PSMB1**	sp|P20618|PSB1_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.4
415	5687	**PSMA6**	sp|P60900|PSA6_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	0.13
416	5688	**PSMA7**	sp|O14818-2|PSA7_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.51
417	5706	**PSMC6**	sp|P62333|PRS10_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.83
418	10121	**ACTR1A**	sp|P61163|ACTZ_HUMAN	1	0.12	0.15	0.03	0.03	-0.39
419	1639	**DCTN1**	sp|Q14203-2|DCTN1_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.67
420	57459	**GATAD2B**	sp|Q8WXI9|P66B_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.07
421	2618	**GART**	sp|P22102|PUR2_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.26
422	829	**CAPZA1**	sp|P52907|CAZA1_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.07
423	23020	**SNRNP200**	sp|O75643|U520_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-1.04
424	27335	**EIF3K**	sp|Q9UBQ5|EIF3K_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.36
425	55352	**C17orf79**	sp|Q9NQ92|COPR5_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.49
426	4691	**NCL**	sp|P19338|NUCL_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.61
427	7175	**TPR**	sp|P12270|TPR_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.32

428	9861	**PSMD6**	sp|Q15008|PSMD6_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.22
429	2521	**FUS**	sp|P35637-2|FUS_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.68
430	7284	**TUFM**	sp|P49411|EFTU_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.43
431	51520	**LARS**	sp|Q9P2J5|SYLC_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.86
432	51639	**SF3B14**	sp|Q9Y3B4|PM14_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	0.16
433	3856	**KRT8**	sp|P05787|K2C8_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.27
434	6737	**TRIM21**	sp|P19474|RO52_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.86
435	220988	**HNRNPA3**	sp|P51991-2|ROA3_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	0.23
436	8666	**EIF3G**	sp|O75821|EIF3G_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-1.04
437	6627	**SNRPA1**	sp|P09661|RU2A_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	0.23
438	4869	**NPM1**	sp|P06748-2|NPM_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.34
439	10051	**SMC4**	sp|Q9NTJ3|SMC4_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.05
440	10291	**SF3A1**	sp|Q15459|SF3A1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.13
441	4678	**NASP**	sp|P49321-3|NASP_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	0.02
442	7295	**TXN**	sp|P10599|THIO_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-0.96
443	5719	**PSMD13**	sp|Q9UNM6-2|PSD13_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.23
444	5216	**PFN1**	sp|P07737|PROF1_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.04
445	4131	**MAP1B**	sp|P46821|MAP1B_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.91
446	5928	**RBBP4**	sp|Q09028-2|RBBP4_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.6
447	3799	**KIF5B**	sp|P33176|KINH_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.01
448	10856	**RUVBL2**	sp|Q9Y230|RUVB2_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.6
449	6187	**RPS2**	sp|P15880|RS2_HUMAN	1	0.12	0.13	0.03	0.03	-0.42
450	6634	**SNRPD3**	sp|P62318|SMD3_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.27
451	5250	**SLC25A3**	sp|Q00325-2|MPCP_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.41
452	23122	**CLASP2**	sp|O75122|CLAP2_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.71
453	8335	**HIST1H2AB**	sp|P04908|H2A1B_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.26
454	6874	**TAF4**	sp|O00268|TAF4_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.63
455	10935	**PRDX3**	sp|P30048|PRDX3_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	-0.15
456	134147	**CMBL**	sp|Q96DG6|CMBL_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-1.11
457	6234	**RPS28**	sp|P62857|RS28_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.36
458	3184	**HNRNPD**	sp|Q14103-2|HNRPD_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.5
459	26135	**SERBP1**	sp|Q8NC51-2|PAIRB_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.15
460	5708	**PSMD2**	sp|Q13200|PSMD2_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.7
461	5691	**PSMB3**	sp|P49720|PSB3_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	0.05
462	6421	**SFPQ**	sp|P23246|SFPQ_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.22
463	KV201_HUM	**KV201_HUM**	sp|P01614|KV201_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.71
464	1973	**EIF4A1**	sp|P60842|IF4A1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	-0.11
465	6637	**SNRPG**	sp|A8MWD9|RUXGL_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.25
466	6636	**SNRPF**	sp|P62306|RUXF_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.54

467	5709	**PSMD3**	sp|O43242|PSMD3_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.71
468	5686	**PSMA5**	sp|P28066|PSA5_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.24
469	57606	**SLAIN2**	sp|Q9P270|SLAI2_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.22
470	6232	**RPS27**	sp|P42677|RS27_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	-0.02
471	23318	**ZCCHC11**	sp|Q5TAX3-2|TUT4_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.68
472	1654	**DDX3X**	sp|O00571|DDX3X_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.36
473	5682	**PSMA1**	sp|P25786-2|PSA1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.41
474	1213	**CLTC**	sp|Q00610-2|CLH1_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.89
475	3646	**EIF3E**	sp|P60228|EIF3E_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-1.11
476	23451	**SF3B1**	sp|O75533|SF3B1_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.75
477	5713	**PSMD7**	sp|P51665|PSD7_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.32
478	4173	**MCM4**	sp|P33991|MCM4_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.09
479	9219	**MTA2**	sp|O94776|MTA2_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.32
480	5692	**PSMB4**	sp|P28070|PSB4_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	0.02
481	5478	**PPIA**	sp|P62937|PPIA_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-0.49
482	142	**PARP1**	sp|P09874|PARP1_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	-0.07
483	3735	**KARS**	sp|Q15046-2|SYK_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.3
484	8607	**RUVBL1**	sp|Q9Y265|RUVB1_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.48

	GeneID	Symbol	Database ID	Ave.APSM	S^N_Score	WS^N_Score	D^N_Score	WD^N_Score	Z_score
1	**84315**	**MON1A**	**sp|Q86VX9|MON1A_HUMAN**	**100**	**8.5**	**8.16**	**14.14**	**14.14**	**7.42**
2	**51622**	**CCZ1**	**sp|P86790|CCZ1L_HUMAN**	**22**	**3.99**	**3.83**	**6.63**	**6.63**	**7.43**
3	**2289**	**FKBP5**	**sp|Q13451|FKBP5_HUMAN**	**18**	**3.61**	**3.46**	**6**	**6**	**7.43**
4	**29919**	**C18orf8**	**sp|Q96DM3|MIC1_HUMAN**	**10**	**2.69**	**2.58**	**4.47**	**4.47**	**7.44**
5	**3323**	**HSP90AA4P**	**sp|Q58FG1|HS904_HUMAN**	**5**	**1.9**	**1.82**	**3.16**	**3.16**	**7.44**
6	**664618**	**HSP90AB4P**	**sp|Q58FF6|H90B4_HUMAN**	**4**	**1.7**	**1.63**	**2.83**	**2.83**	**7.42**
7	**9209**	**LRRFIP2**	**sp|Q9Y608-2|LRRF2_HUMAN**	**1**	**0.85**	**0.82**	**1.41**	**1.41**	**7.54**
8	**81704**	**DOCK8**	**sp|Q8NF50-2|DOCK8_HUMAN**	**1**	**0.85**	**0.82**	**1.41**	**1.41**	**7.54**
9	**116113**	**FOXP4**	**sp|Q8IVH2|FOXP4_HUMAN**	**1**	**0.85**	**0.82**	**1.41**	**1.41**	**7.54**
10	**57819**	**LSM2**	**sp|Q9Y333|LSM2_HUMAN**	**1**	**0.85**	**0.82**	**1.41**	**1.41**	**7.54**
11	55869	HDAC8	sp|Q9BY41-2|HDAC8_HUMAN	1	0.6	0.58	0.71	0.71	3.28
12	25831	HECTD1	sp|Q9ULT8|HECD1_HUMAN	1	0.6	0.58	0.71	0.71	5.05
13	84263	HSDL2	sp|Q6YN16-2|HSDL2_HUMAN	3	0.74	0.71	0.61	0.61	6.42
14	5536	PPP5C	sp|P53041|PPP5_HUMAN	2	0.6	0.58	0.5	0.5	5.62
15	9529	BAG5	sp|Q9UL15-2|BAG5_HUMAN	2	0.6	0.58	0.5	0.5	5.62
16	6279	S100A8	sp|P05109|S10A8_HUMAN	1	0.49	0.47	0.47	0.47	4.13
17	79868	ALG13	sp|Q9NP73-3|ALG13_HUMAN	5	0.72	0.69	0.45	0.45	5.96
18	9500	MAGED1	sp|Q9Y5V3-2|MAGD1_HUMAN	2	0.54	0.52	0.4	0.4	3.58
19	10910	SUGT1	sp|Q9Y2Z0-2|SUGT1_HUMAN	2	0.54	0.52	0.4	0.4	2.45
20	54039	PCBP3	sp|P57721-2|PCBP3_HUMAN	2	0.49	0.47	0.33	0.33	4.95
21	7266	DNAJC7	sp|Q99615|DNJC7_HUMAN	8	0.67	0.64	0.31	0.31	4.03
22	7415	VCP	sp|P55072|TERA_HUMAN	26	0.59	0.83	0.13	0.29	-0.18
23	25980	C20orf4	sp|Q9Y312|CT004_HUMAN	2	0.45	0.44	0.29	0.29	4.65
24	9533	POLR1C	sp|O15160-2|RPAC1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.28	0.28	2.47
25	391634	HSP90AB2P	sp|Q58FF8|H90B2_HUMAN	10	0.63	0.61	0.25	0.25	4.28
26	10273	STUB1	sp|Q9UNE7|CHIP_HUMAN	2	0.38	0.4	0.2	0.25	0.45
27	55747	FAM21B	sp|Q5SNT6|FA21B_HUMAN	2	0.43	0.41	0.25	0.25	4.49
28	10382	TUBB4	sp|P04350|TBB4_HUMAN	26	0.79	0.76	0.24	0.24	0.46
29	3304	HSPA1B	sp|P08107|HSP71_HUMAN	94	1.09	1.05	0.24	0.24	2.3
30	8471	IRS4	sp|O14654|IRS4_HUMAN	8	0.58	0.56	0.24	0.24	3.44
31	25929	GEMIN5	sp|Q8TEQ6|GEMI5_HUMAN	1	0.35	0.33	0.24	0.24	2.87
32	51377	UCHL5	sp|Q9Y5K5-2|UCHL5_HUMAN	1	0.35	0.33	0.24	0.24	1.58
33	80349	WDR61	sp|Q9GZS3|WDR61_HUMAN	2	0.4	0.38	0.22	0.22	2.05
34	4676	NAP1L4	sp|Q99733|NP1L4_HUMAN	2	0.4	0.38	0.22	0.22	3.11
35	3396	ICT1	sp|Q14197|ICT1_HUMAN	2	0.4	0.38	0.22	0.22	1.61
36	3320	HSP90AA1	sp|P07900-2|HS90A_HUMAN	54	0.85	0.83	0.19	0.2	5.67
37	154796	AMOT	sp|Q4VCS5-2|AMOT_HUMAN	3	0.42	0.41	0.2	0.2	3.88
38	22820	COPG	sp|Q9Y678|COPG_HUMAN	2	0.38	0.37	0.2	0.2	0.86
39	2017	CTTN	sp|Q14247|SRC8_HUMAN	3	0.42	0.41	0.2	0.2	3.51
40	6749	SSRP1	sp|Q08945|SSRP1_HUMAN	1	0.32	0.31	0.2	0.2	2.67
41	2316	FLNA	sp|P21333-2|FLNA_HUMAN	56	0.85	0.82	0.19	0.19	0.08
42	54953	C1orf27	sp|Q5SWX8-2|ODR4_HUMAN	4	0.44	0.42	0.19	0.19	2.53

43	10755	GIPC1	sp|O14908|GIPC1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
44	1642	DDB1	sp|Q16531|DDB1_HUMAN	5	0.31	0.45	0.09	0.19	-0.12
45	23607	CD2AP	sp|Q9Y5K6|CD2AP_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
46	11319	ECD	sp|O95905|SGT1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
47	28985	MCTS1	sp|Q9ULC4-2|MCTS1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
48	8550	MAPKAPK5	sp|Q8IW41-2|MAPK5_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
49	56269	IRGC	sp|Q6NXR0|IIGP5_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
50	56160	NDNL2	sp|Q96MG7|MAGG1_HUMAN	1	0.85	0.82	0.19	0.19	7.54
51	3326	HSP90AB1	sp|P08238|HS90B_HUMAN	45	0.78	0.75	0.18	0.18	4.65
52	3312	HSPA8	sp|P11142|HSP7C_HUMAN	52	0.81	0.78	0.18	0.18	0.8
53	2194	FASN	sp|P49327|FAS_HUMAN	23	0.6	0.63	0.15	0.18	2.3
54	10238	DCAF7	sp|P61962|DCAF7_HUMAN	2	0.36	0.35	0.18	0.18	1.84
55	9403	15-Sep	sp|O60613|SEP15_HUMAN	1	0.3	0.29	0.18	0.18	2.05
56	7280	TUBB2A	sp|Q13885|TBB2A_HUMAN	23	0.65	0.62	0.17	0.17	0.06
57	3305	HSPA1L	sp|P34931|HS71L_HUMAN	40	0.75	0.72	0.17	0.17	1.66
58	10808	HSPH1	sp|Q92598-2|HS105_HUMAN	13	0.5	0.53	0.13	0.17	1.31
59	10460	TACC3	sp|Q9Y6A5|TACC3_HUMAN	4	0.41	0.4	0.17	0.17	4.48
60	10181	RBM5	sp|P52756|RBM5_HUMAN	3	0.39	0.38	0.17	0.17	2.85
61	7846	TUBA1A	sp|Q71U36|TBA1A_HUMAN	23	0.64	0.61	0.17	0.17	0.14
62	23112	TNRC6B	sp|Q9UPQ9-1|TNR6B_HUMAN	4	0.41	0.4	0.17	0.17	3.47
63	1434	CSE1L	sp|P55060-3|XPO2_HUMAN	4	0.41	0.4	0.17	0.17	3.21
64	5034	P4HB	sp|P07237|PDIA1_HUMAN	1	0.18	0.28	0.06	0.17	-0.01
65	5636	PRPSAP2	sp|O60256|KPRB_HUMAN	3	0.39	0.38	0.17	0.17	0.68
66	4628	MYH10	sp|P35580-2|MYH10_HUMAN	20	0.59	0.58	0.15	0.16	3.65
67	1975	EIF4B	sp|P23588|IF4B_HUMAN	27	0.66	0.63	0.16	0.16	0.91
68	23527	ACAP2	sp|Q15057|ACAP2_HUMAN	8	0.48	0.46	0.16	0.16	3.11
69	10963	STIP1	sp|P31948|STIP1_HUMAN	4	0.4	0.38	0.16	0.16	2.44
70	6093	ROCK1	sp|Q13464|ROCK1_HUMAN	11	0.5	0.5	0.15	0.16	2.17
71	6510	SLC1A5	sp|Q15758|AAAT_HUMAN	2	0.3	0.33	0.12	0.16	0.84
72	10944	C11orf58	sp|O00193|SMAP_HUMAN	1	0.28	0.27	0.16	0.16	1.91
73	9406	ZRANB2	sp|O95218-2|ZRAB2_HUMAN	3	0.33	0.36	0.12	0.16	0.52
74	57003	CCDC47	sp|Q96A33-2|CCD47_HUMAN	1	0.28	0.27	0.16	0.16	1.91
75	10419	PRMT5	sp|O14744|ANM5_HUMAN	32	0.66	0.63	0.15	0.15	-0.42
76	9208	LRRFIP1	sp|Q32MZ4-2|LRRF1_HUMAN	3	0.37	0.35	0.15	0.15	3.47
77	9093	DNAJA3	sp|Q96EY1-2|DNJA3_HUMAN	5	0.41	0.4	0.15	0.15	4.07
78	10728	PTGES3	sp|Q15185|TEBP_HUMAN	5	0.41	0.4	0.15	0.15	5.31
79	27336	HTATSF1	sp|O43719|HTSF1_HUMAN	2	0.23	0.31	0.07	0.15	0.17
80	5516	PPP2CB	sp|P62714|PP2AB_HUMAN	2	0.33	0.32	0.15	0.15	1.87
81	4172	MCM3	sp|P25205|MCM3_HUMAN	5	0.41	0.39	0.14	0.15	1.67
82	10383	TUBB2C	sp|P68371|TBB2C_HUMAN	24	0.59	0.57	0.14	0.14	-0.04
83	84617	TUBB6	sp|Q9BUF5|TBB6_HUMAN	13	0.51	0.49	0.14	0.14	0.37
84	3310	HSPA6	sp|P17066|HSP76_HUMAN	27	0.62	0.59	0.14	0.14	2.32
85	7203	CCT3	sp|P49368|TCPG_HUMAN	30	0.63	0.6	0.14	0.14	0.84
86	51479	ANKFY1	sp|Q9P2R3-4|ANFY1_HUMAN	21	0.58	0.56	0.14	0.14	0.96

87	3308	HSPA4	sp|P34932|HSP74_HUMAN	22	0.58	0.56	0.14	0.14	1.16
88	84790	TUBA1C	sp|Q9BQE3|TBA1C_HUMAN	18	0.55	0.53	0.14	0.14	-0.1
89	10576	CCT2	sp|P78371|TCPB_HUMAN	30	0.62	0.6	0.14	0.14	0.66
90	51184	GPN3	sp|Q9UHW5-2|GPN3_HUMAN	1	0.6	0.61	0.13	0.14	0.68
91	7086	TKT	sp|P29401|TKT_HUMAN	2	0.32	0.31	0.14	0.14	1.63
92	1503	CTPS	sp|P17812|PYRG1_HUMAN	3	0.35	0.33	0.14	0.14	1.28
93	10962	MLLT11	sp|Q13015|AF1Q_HUMAN	1	0.27	0.26	0.14	0.14	1.23
94	10197	PSME3	sp|P61289-2|PSME3_HUMAN	1	0.27	0.26	0.14	0.14	1.84
95	203068	TUBB	sp|P07437|TBB5_HUMAN	29	0.61	0.58	0.13	0.13	-0.19
96	7184	HSP90B1	sp|P14625|ENPL_HUMAN	9	0.45	0.43	0.13	0.13	2.69
97	4627	MYH9	sp|P35579|MYH9_HUMAN	22	0.57	0.55	0.13	0.13	2.98
98	10075	HUWE1	sp|Q7Z6Z7-2|HUWE1_HUMAN	15	0.49	0.48	0.12	0.13	3.45
99	1832	DSP	sp|P15924-2|DESP_HUMAN	1	0.23	0.24	0.1	0.13	0.3
100	10376	TUBA1B	sp|P68363|TBA1B_HUMAN	24	0.57	0.54	0.13	0.13	-0.08
101	3301	DNAJA1	sp|P31689|DNJA1_HUMAN	15	0.51	0.5	0.13	0.13	4.24
102	11329	STK38	sp|Q15208|STK38_HUMAN	22	0.55	0.53	0.13	0.13	-0.15
103	1778	DYNC1H1	sp|Q14204|DYHC1_HUMAN	12	0.47	0.45	0.13	0.13	-0.1
104	6950	TCP1	sp|P17987|TCPA_HUMAN	28	0.6	0.57	0.13	0.13	0.63
105	11316	COPE	sp|O14579|COPE_HUMAN	2	0.31	0.3	0.13	0.13	2.29
106	4763	NF1	sp|P21359-2|NF1_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
107	54930	HAUS4	sp|Q9H6D7-3|HAUS4_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
108	10535	RNASEH2A	sp|O75792|RNH2A_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	1.1
109	6728	SRP19	sp|P09132|SRP19_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
110	161	AP2A2	sp|O94973-2|AP2A2_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
111	151987	PPP4R2	sp|Q9NY27-3|PP4R2_HUMAN	1	0.49	0.58	0.11	0.13	0.17
112	6830	SUPT6H	sp|Q7KZ85-3|SPT6H_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
113	10013	HDAC6	sp|Q9UBN7|HDAC6_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
114	2319	FLOT2	sp|Q14254|FLOT2_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	3.28
115	11047	ADRM1	sp|Q16186|ADRM1_HUMAN	2	0.31	0.3	0.13	0.13	2.09
116	26985	AP3M1	sp|Q9Y2T2|AP3M1_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
117	5830	PEX5	sp|P50542-2|PEX5_HUMAN	1	0.6	0.58	0.13	0.13	5.05
118	2318	FLNC	sp|Q14315-2|FLNC_HUMAN	5	0.37	0.35	0.12	0.12	1.1
119	144097	C11orf84	sp|Q9BUA3|CK084_HUMAN	17	0.5	0.48	0.12	0.12	0.92
120	22824	HSPA4L	sp|O95757|HS74L_HUMAN	7	0.39	0.38	0.11	0.12	0.63
121	10694	CCT8	sp|P50990|TCPQ_HUMAN	24	0.56	0.54	0.12	0.12	0.3
122	10575	CCT4	sp|P50991|TCPD_HUMAN	21	0.52	0.5	0.12	0.12	0.25
123	3832	KIF11	sp|P52732|KIF11_HUMAN	8	0.39	0.4	0.11	0.12	-0.27
124	22948	CCT5	sp|P48643|TCPE_HUMAN	23	0.55	0.52	0.12	0.12	0.63
125	476	ATP1A1	sp|P05023|AT1A1_HUMAN	5	0.28	0.35	0.07	0.12	-0.06
126	4173	MCM4	sp|P33991|MCM4_HUMAN	6	0.39	0.37	0.12	0.12	3.59
127	10294	DNAJA2	sp|O60884|DNJA2_HUMAN	11	0.45	0.44	0.12	0.12	2.77
128	51593	SRRT	sp|Q9BXP5-2|SRRT_HUMAN	1	0.25	0.24	0.12	0.12	1.28
129	5631	PRPS1	sp|P60891|PRPS1_HUMAN	4	0.35	0.34	0.12	0.12	1.02
130	3188	HNRNPH2	sp|P55795|HNRH2_HUMAN	3	0.32	0.31	0.12	0.12	0.77

131	3028	HSD17B10	sp|Q99714-2|HCD2_HUMAN	3	0.26	0.31	0.07	0.12	-0.01
132	10946	SF3A3	sp|Q12874|SF3A3_HUMAN	2	0.3	0.29	0.12	0.12	2
133	1460	CSNK2B	sp|P67870|CSK2B_HUMAN	2	0.3	0.29	0.12	0.12	1.75
134	10487	CAP1	sp|Q01518-2|CAP1_HUMAN	1	0.25	0.24	0.12	0.12	1.35
135	10857	PGRMC1	sp|O00264|PGRC1_HUMAN	1	0.25	0.24	0.12	0.12	0.6
136	10625	IVNS1ABP	sp|Q9Y6Y0|NS1BP_HUMAN	9	0.4	0.39	0.11	0.11	1.17
137	2317	FLNB	sp|O75369-2|FLNB_HUMAN	11	0.43	0.41	0.11	0.11	1.73
138	3852	KRT5	sp|P13647|K2C5_HUMAN	3	0.3	0.29	0.1	0.11	0.13
139	5955	RCN2	sp|Q14257|RCN2_HUMAN	9	0.39	0.39	0.1	0.11	1.61
140	CCD55_HU	CCD55_HUMAN	sp|Q9H0G5|CCD55_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
141	10454	TAB1	sp|Q15750|TAB1_HUMAN	13	0.46	0.44	0.11	0.11	0.68
142	10574	CCT7	sp|Q99832|TCPH_HUMAN	21	0.52	0.5	0.11	0.11	0.31
143	92609	TIMM50	sp|Q3ZCQ8-2|TIM50_HUMAN	4	0.34	0.33	0.11	0.11	2.11
144	9793	CKAP5	sp|Q14008-2|CKAP5_HUMAN	8	0.4	0.38	0.11	0.11	0.62
145	8241	RBM10	sp|P98175-2|RBM10_HUMAN	15	0.47	0.45	0.11	0.11	-0.18
146	3857	KRT9	sp|P35527|K1C9_HUMAN	15	0.47	0.45	0.11	0.11	0.81
147	54442	KCTD5	sp|Q9NXV2|KCTD5_HUMAN	4	0.33	0.32	0.11	0.11	-0.08
148	79084	WDR77	sp|Q9BQA1|MEP50_HUMAN	18	0.5	0.48	0.11	0.11	-0.1
149	23633	KPNA6	sp|O60684|IMA7_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
150	9958	USP15	sp|Q9Y4E8-2|UBP15_HUMAN	9	0.41	0.4	0.11	0.11	0.96
151	10190	TXNDC9	sp|O14530|TXND9_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
152	23193	GANAB	sp|Q14697-2|GANAB_HUMAN	2	0.26	0.27	0.1	0.11	0.69
153	1785	DNM2	sp|P50570-2|DYN2_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
154	22818	COPZ1	sp|P61923|COPZ1_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
155	22803	XRN2	sp|Q9H0D6-2|XRN2_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	2.12
156	3106	HLA-B	sp|P01889|1B07_HUMAN	1	0.49	0.47	0.11	0.11	4.13
157	347688	TUBB8	sp|Q3ZCM7|TBB8_HUMAN	12	0.41	0.4	0.1	0.1	0.03
158	3858	KRT10	sp|P13645|K1C10_HUMAN	16	0.46	0.44	0.1	0.1	0.73
159	47	ACLY	sp|P53396|ACLY_HUMAN	5	0.34	0.33	0.1	0.1	1.57
160	2969	GTF2I	sp|P78347-2|GTF2I_HUMAN	3	0.3	0.29	0.1	0.1	2.07
161	26121	PRPF31	sp|Q8WWY3|PRP31_HUMAN	11	0.41	0.39	0.1	0.1	0.03
162	54726	OTUD4	sp|Q01804|OTUD4_HUMAN	9	0.4	0.38	0.1	0.1	1.32
163	10526	IPO8	sp|O15397|IPO8_HUMAN	8	0.37	0.36	0.1	0.1	0.9
164	70	ACTC1	sp|P68032|ACTC_HUMAN	5	0.33	0.32	0.1	0.1	0.18
165	6885	MAP3K7	sp|O43318-2|M3K7_HUMAN	9	0.39	0.38	0.1	0.1	1.09
166	51726	DNAJB11	sp|Q9UBS4|DJB11_HUMAN	2	0.26	0.26	0.1	0.1	0.9
167	6218	RPS17	sp|P08708|RS17_HUMAN	2	0.26	0.25	0.1	0.1	0.97
168	10128	LRPPRC	sp|P42704|LPPRC_HUMAN	2	0.26	0.25	0.1	0.1	0.47
169	3309	HSPA5	sp|P11021|GRP78_HUMAN	14	0.43	0.41	0.09	0.09	-0.16
170	9276	COPB2	sp|P35606|COPB2_HUMAN	3	0.27	0.27	0.08	0.09	0.65
171	3848	KRT1	sp|P04264|K2C1_HUMAN	12	0.39	0.38	0.09	0.09	-0.23
172	9343	EFTUD2	sp|Q15029|U5S1_HUMAN	10	0.38	0.37	0.09	0.09	2.98
173	908	CCT6A	sp|P40227|TCPZ_HUMAN	12	0.4	0.38	0.09	0.09	-0.02
174	3313	HSPA9	sp|P38646|GRP75_HUMAN	13	0.41	0.39	0.09	0.09	-0.17

175	3030	HADHA	sp|P40939|ECHA_HUMAN	2	0.25	0.25	0.09	0.09	0.36
176	10927	SPIN1	sp|Q9Y657|SPIN1_HUMAN	9	0.37	0.36	0.09	0.09	0.13
177	23020	SNRNP200	sp|O75643|U520_HUMAN	10	0.38	0.37	0.09	0.09	1.34
178	10594	PRPF8	sp|Q6P2Q9|PRP8_HUMAN	9	0.37	0.36	0.09	0.09	1.27
179	1314	COPA	sp|P53621-2|COPA_HUMAN	4	0.28	0.3	0.08	0.09	0.55
180	5436	POLR2G	sp|P62487|RPB7_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	1.25
181	9785	DHX38	sp|Q92620|PRP16_HUMAN	3	0.28	0.27	0.09	0.09	0.87
182	2010	EMD	sp|P50402|EMD_HUMAN	1	0.21	0.2	0.09	0.09	0.43
183	4144	MAT2A	sp|P31153|METK2_HUMAN	5	0.33	0.31	0.09	0.09	1.68
184	79596	RNF219	sp|Q5W0B1|RN219_HUMAN	2	0.26	0.25	0.09	0.09	0.76
185	5430	POLR2A	sp|P24928|RPB1_HUMAN	1	0.35	0.41	0.08	0.09	0.33
186	5704	PSMC4	sp|P43686|PRS6B_HUMAN	3	0.28	0.27	0.09	0.09	2.11
187	6767	ST13	sp|P50502|F10A1_HUMAN	2	0.25	0.24	0.09	0.09	1.69
188	5824	PEX19	sp|P40855-5|PEX19_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	2.68
189	1729	DIAPH1	sp|O60610-2|DIAP1_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
190	55749	CCAR1	sp|Q8IX12-2|CCAR1_HUMAN	2	0.26	0.25	0.09	0.09	0.78
191	9810	RNF40	sp|O75150-4|BRE1B_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
192	85313	PPIL4	sp|Q8WUA2|PPIL4_HUMAN	3	0.29	0.28	0.09	0.09	2.21
193	9135	RABEP1	sp|Q15276-2|RABE1_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
194	79672	FN3KRP	sp|Q9HA64|KT3K_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	3.58
195	2752	GLUL	sp|P15104|GLNA_HUMAN	1	0.42	0.41	0.09	0.09	1.25
196	7532	YWHAG	sp|P61981|1433G_HUMAN	2	0.24	0.23	0.08	0.08	0.95
197	7531	YWHAE	sp|P62258|1433E_HUMAN	7	0.33	0.32	0.08	0.08	1.78
198	3861	KRT14	sp|P02533|K1C14_HUMAN	3	0.25	0.25	0.07	0.08	0.01
199	3849	KRT2	sp|P35908|K22E_HUMAN	8	0.33	0.32	0.08	0.08	-0.03
200	10606	PAICS	sp|P22234-2|PUR6_HUMAN	3	0.26	0.25	0.08	0.08	2.69
201	4176	MCM7	sp|P33993|MCM7_HUMAN	2	0.24	0.23	0.08	0.08	1.21
202	1267	CNP	sp|P09543-2|CN37_HUMAN	2	0.36	0.35	0.08	0.08	1.79
203	4175	MCM6	sp|Q14566|MCM6_HUMAN	2	0.25	0.24	0.08	0.08	0.94
204	8546	AP3B1	sp|O00203|AP3B1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	2.47
205	57662	KIAA1543	sp|Q9P1Y5|CAMP3_HUMAN	4	0.28	0.27	0.08	0.08	0.49
206	4548	MTR	sp|Q99707|METH_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
207	1938	EEF2	sp|P13639|EF2_HUMAN	7	0.33	0.31	0.08	0.08	0.87
208	65008	MRPL1	sp|Q9BYD6|RM01_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
209	83732	RIOK1	sp|Q9BRS2|RIOK1_HUMAN	7	0.34	0.32	0.08	0.08	-0.09
210	26065	LSM14A	sp|Q8ND56-2|LS14A_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
211	23510	KCTD2	sp|Q14681|KCTD2_HUMAN	2	0.25	0.24	0.08	0.08	-0.05
212	79734	KCTD17	sp|Q8N5Z5-2|KCD17_HUMAN	2	0.25	0.24	0.08	0.08	-0.33
213	23012	STK38L	sp|Q9Y2H1|ST38L_HUMAN	8	0.35	0.34	0.08	0.08	-0.36
214	1315	COPB1	sp|P53618|COPB_HUMAN	3	0.25	0.26	0.07	0.08	0.33
215	80222	TARS2	sp|Q9BW92|SYTM_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
216	7001	PRDX2	sp|P32119|PRDX2_HUMAN	1	0.2	0.19	0.08	0.08	0.42
217	8607	RUVBL1	sp|Q9Y265|RUVB1_HUMAN	6	0.31	0.3	0.08	0.08	1.56
218	25902	MTHFD1L	sp|Q6UB35|C1TM_HUMAN	1	0.2	0.19	0.08	0.08	0.51

219	1207	CLNS1A	sp|P54105|ICLN_HUMAN	7	0.33	0.31	0.08	0.08	-0.34
220	4131	MAP1B	sp|P46821|MAP1B_HUMAN	8	0.34	0.33	0.08	0.08	-0.38
221	3843	IPO5	sp|O00410-2|IPO5_HUMAN	2	0.36	0.35	0.08	0.08	2.27
222	7273	TTN	sp|Q8WZ42-2|TITIN_HUMAN	4	0.28	0.27	0.08	0.08	2.72
223	3276	PRMT1	sp|Q99873-2|ANM1_HUMAN	3	0.22	0.25	0.05	0.08	-0.28
224	23118	TAB2	sp|Q9NYJ8|TAB2_HUMAN	4	0.29	0.28	0.08	0.08	1.82
225	230	ALDOC	sp|P09972|ALDOC_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
226	64151	NCAPG	sp|Q9BPX3|CND3_HUMAN	3	0.26	0.25	0.08	0.08	2.02
227	8880	FUBP1	sp|Q96AE4-2|FUBP1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	2.05
228	3799	KIF5B	sp|P33176|KINH_HUMAN	3	0.27	0.26	0.08	0.08	1.4
229	10657	KHDRBS1	sp|Q07666-2|KHDR1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
230	81	ACTN4	sp|O43707|ACTN4_HUMAN	1	0.2	0.19	0.08	0.08	0.43
231	4927	NUP88	sp|Q99567|NUP88_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	1.15
232	1477	CSTF1	sp|Q05048|CSTF1_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
233	84946	LTV1	sp|Q96GA3|LTV1_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	2.05
234	53918	PELO	sp|Q9BRX2|PELO_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	1.79
235	131474	CHCHD4	sp|Q8N4Q1-2|MIA40_HUMAN	1	0.2	0.19	0.08	0.08	0.27
236	55705	IPO9	sp|Q96P70|IPO9_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	1.79
237	257397	TAB3	sp|Q8N5C8-2|TAB3_HUMAN	3	0.26	0.25	0.08	0.08	1.82
238	9043	SPAG9	sp|O60271-2|JIP4_HUMAN	1	0.21	0.2	0.08	0.08	0.86
239	5831	PYCR1	sp|P32322|P5CR1_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	1.71
240	51138	COPS4	sp|Q9BT78|CSN4_HUMAN	1	0.26	0.33	0.06	0.08	-0.13
241	2997	GYS1	sp|P13807|GYS1_HUMAN	1	0.35	0.33	0.08	0.08	2.87
242	116966	WDR17	sp|Q8IZU2|WDR17_HUMAN	1	0.38	0.37	0.08	0.08	3.14
243	1937	EEF1G	sp|P26641|EF1G_HUMAN	8	0.32	0.31	0.07	0.07	0.07
244	55752	11-Sep	sp|Q9NVA2-2|SEP11_HUMAN	1	0.19	0.18	0.07	0.07	0.82
245	10971	YWHAQ	sp|P27348|1433T_HUMAN	4	0.27	0.26	0.07	0.07	1.64
246	9131	AIFM1	sp|O95831-3|AIFM1_HUMAN	6	0.3	0.29	0.07	0.07	0.48
247	10155	TRIM28	sp|Q13263|TIF1B_HUMAN	6	0.3	0.28	0.07	0.07	1.14
248	5687	PSMA6	sp|P60900|PSA6_HUMAN	3	0.25	0.24	0.07	0.07	2.2
249	191	AHCY	sp|P23526|SAHH_HUMAN	2	0.22	0.21	0.07	0.07	1.56
250	5700	PSMC1	sp|P62191|PRS4_HUMAN	5	0.28	0.27	0.07	0.07	1.47
251	5111	PCNA	sp|P12004|PCNA_HUMAN	3	0.24	0.23	0.07	0.07	0.19
252	3329	HSPD1	sp|P10809|CH60_HUMAN	8	0.32	0.31	0.07	0.07	0.16
253	8661	EIF3A	sp|Q14152|EIF3A_HUMAN	6	0.29	0.28	0.07	0.07	-0.77
254	60	ACTB	sp|P60709|ACTB_HUMAN	8	0.32	0.31	0.07	0.07	-0.17
255	6599	SMARCC1	sp|Q92922|SMRC1_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	1.71
256	5707	PSMD1	sp|Q99460-2|PSMD1_HUMAN	6	0.3	0.29	0.07	0.07	0.77
257	813	CALU	sp|O43852-2|CALU_HUMAN	1	0.19	0.18	0.07	0.07	0.37
258	51143	DYNC1LI1	sp|Q9Y6G9|DC1L1_HUMAN	2	0.23	0.22	0.07	0.07	2.18
259	56886	UGGT1	sp|Q9NYU2-2|UGGG1_HUMAN	2	0.31	0.3	0.07	0.07	0.19
260	5717	PSMD11	sp|O00231|PSD11_HUMAN	6	0.3	0.29	0.07	0.07	0.8
261	3921	RPSA	sp|P08865|RSSA_HUMAN	4	0.28	0.26	0.07	0.07	0.91
262	83473	KATNAL2	sp|Q8IYT4-2|KATL2_HUMAN	1	0.19	0.18	0.07	0.07	0.29

263	9918	NCAPD2	sp|Q15021|CND1_HUMAN	1	0.19	0.18	0.07	0.07	0.6
264	8826	IQGAP1	sp|P46940|IQGA1_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.15
265	3190	HNRNPK	sp|P61978-2|HNRPK_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	0.15
266	178	AGL	sp|P35573-2|GDE_HUMAN	7	0.3	0.29	0.07	0.07	-0.57
267	10465	PPIH	sp|O43447|PPIH_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
268	3182	HNRNPAB	sp|Q99729-2|ROAA_HUMAN	2	0.23	0.22	0.07	0.07	1
269	1915	EEF1A1	sp|P68104|EF1A1_HUMAN	9	0.34	0.32	0.07	0.07	0.13
270	790	CAD	sp|P27708|PYR1_HUMAN	8	0.33	0.31	0.07	0.07	0.23
271	377	ARF3	sp|P61204|ARF3_HUMAN	1	0.19	0.19	0.07	0.07	0.68
272	10540	DCTN2	sp|Q13561-2|DCTN2_HUMAN	2	0.17	0.21	0.04	0.07	-0.25
273	1936	EEF1D	sp|P29692-2|EF1D_HUMAN	7	0.31	0.29	0.07	0.07	1.71
274	26958	COPG2	sp|Q9UBF2|COPG2_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	1.18
275	9456	HOMER1	sp|Q86YM7-2|HOME1_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
276	4720	NDUFS2	sp|O75306|NDUS2_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	1.74
277	4670	HNRNPM	sp|P52272-2|HNRPM_HUMAN	1	0.19	0.18	0.07	0.07	0.2
278	55740	ENAH	sp|Q8N8S7-2|ENAH_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	2.67
279	654483	BOLA2B	sp|Q9H3K6-2|BOLA2_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.05
280	4841	NONO	sp|Q15233|NONO_HUMAN	3	0.25	0.24	0.07	0.07	1.92
281	60496	AASDHPPT	sp|Q9NRN7|ADPPT_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
282	9882	TBC1D4	sp|O60343-2|TBCD4_HUMAN	1	0.32	0.33	0.07	0.07	0.94
283	523	ATP6V1A	sp|P38606|VATA_HUMAN	1	0.32	0.31	0.07	0.07	1.87
284	80335	WDR82	sp|Q6UXN9|WDR82_HUMAN	1	0.3	0.29	0.07	0.07	2.46
285	23350	U2SURP	sp|O15042-2|SR140_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.39
286	10131	TRAP1	sp|Q12931|TRAP1_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	2.19
287	708	C1QBP	sp|Q07021|C1QBP_HUMAN	6	0.28	0.27	0.06	0.06	0.88
288	84656	GLYR1	sp|Q49A26-2|GLYR1_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	0.9
289	5702	PSMC3	sp|P17980|PRS6A_HUMAN	5	0.27	0.26	0.06	0.06	0.89
290	6921	TCEB1	sp|Q15369|ELOC_HUMAN	1	0.18	0.17	0.06	0.06	0.75
291	7430	EZR	sp|P15311|EZRI_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.54
292	10121	ACTR1A	sp|P61163|ACTZ_HUMAN	2	0.17	0.21	0.04	0.06	-0.22
293	5685	PSMA4	sp|P25789|PSA4_HUMAN	2	0.2	0.19	0.06	0.06	0.44
294	23136	EPB41L3	sp|Q9Y2J2-2|E41L3_HUMAN	2	0.22	0.21	0.06	0.06	0.61
295	5479	PPIB	sp|P23284|PPIB_HUMAN	3	0.22	0.21	0.06	0.06	2.41
296	6730	SRP68	sp|Q9UHB9-2|SRP68_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.91
297	10480	EIF3M	sp|Q7L2H7|EIF3M_HUMAN	4	0.25	0.24	0.06	0.06	0.04
298	9669	EIF5B	sp|O60841|IF2P_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	1.84
299	5701	PSMC2	sp|P35998|PRS7_HUMAN	4	0.25	0.24	0.06	0.06	0.31
300	4171	MCM2	sp|P49736|MCM2_HUMAN	3	0.3	0.28	0.06	0.06	1.21
301	5692	PSMB4	sp|P28070|PSB4_HUMAN	3	0.23	0.22	0.06	0.06	2.11
302	2288	FKBP4	sp|Q02790|FKBP4_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	0.69
303	8668	EIF3I	sp|Q13347|EIF3I_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	-0.11
304	5037	PEBP1	sp|P30086|PEBP1_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	1.35
305	506	ATP5B	sp|P06576|ATPB_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	0
306	5705	PSMC5	sp|P62195|PRS8_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	0.37

307	6628	SNRPB	sp|P14678-2|RSMB_HUMAN	4	0.24	0.23	0.06	0.06	0.08
308	3187	HNRNPH1	sp|P31943|HNRH1_HUMAN	5	0.26	0.25	0.06	0.06	0.13
309	2746	GLUD1	sp|P00367|DHE3_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.91
310	6202	RPS8	sp|P62241|RS8_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.45
311	10130	PDIA6	sp|Q15084-2|PDIA6_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.38
312	5683	PSMA2	sp|P25787|PSA2_HUMAN	2	0.2	0.2	0.06	0.06	0.87
313	444	ASPH	sp|Q12797-2|ASPH_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1
314	6632	SNRPD1	sp|P62314|SMD1_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	0.5
315	10421	CD2BP2	sp|O95400|CD2B2_HUMAN	2	0.22	0.21	0.06	0.06	1.38
316	5836	PYGL	sp|P06737|PYGL_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	0.75
317	2547	XRCC6	sp|P12956|XRCC6_HUMAN	2	0.2	0.2	0.06	0.06	0.06
318	5494	PPM1A	sp|P35813|PPM1A_HUMAN	2	0.2	0.19	0.06	0.06	-0.39
319	5495	PPM1B	sp|O75688|PPM1B_HUMAN	4	0.25	0.24	0.06	0.06	-0.69
320	8518	IKBKAP	sp|O95163|ELP1_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.54
321	1108	CHD4	sp|Q14839-2|CHD4_HUMAN	2	0.21	0.2	0.06	0.06	-0.3
322	2821	GPI	sp|P06744|G6PI_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	0.78
323	2314	FLII	sp|Q13045|FLII_HUMAN	2	0.29	0.28	0.06	0.06	2.84
324	8570	KHSRP	sp|Q92945-2|FUBP2_HUMAN	1	0.17	0.17	0.06	0.06	-0.07
325	92597	MOBKL1A	sp|Q7L9L4|MOL1A_HUMAN	1	0.18	0.17	0.06	0.06	0.89
326	51253	MRPL37	sp|Q9BZE1|RM37_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.39
327	7874	USP7	sp|Q93009|UBP7_HUMAN	1	0.25	0.28	0.05	0.06	0.03
328	283458	NME2P1	sp|O60361|NDK8_HUMAN	1	0.27	0.26	0.06	0.06	2.16
329	4513	COX2	sp|P00403|COX2_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.29
330	4697	NDUFA4	sp|O00483|NDUA4_HUMAN	1	0.17	0.17	0.06	0.06	0.72
331	440	ASNS	sp|P08243|ASNS_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	1.54
332	7094	TLN1	sp|Q9Y490|TLN1_HUMAN	1	0.26	0.25	0.06	0.06	0.94
333	27101	CACYBP	sp|Q9HB71|CYBP_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.69
334	8239	USP9X	sp|Q93008-1|USP9X_HUMAN	1	0.25	0.27	0.05	0.06	0.23
335	55269	PSPC1	sp|Q8WXF1-2|PSPC1_HUMAN	1	0.28	0.27	0.06	0.06	1.49
336	1495	CTNNA1	sp|P35221-2|CTNA1_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.81
337	7534	YWHAZ	sp|P63104|1433Z_HUMAN	3	0.22	0.21	0.05	0.05	0.73
338	2956	MSH6	sp|P52701-2|MSH6_HUMAN	1	0.2	0.21	0.04	0.05	-0.1
339	5689	PSMB1	sp|P20618|PSB1_HUMAN	2	0.18	0.17	0.05	0.05	0.37
340	5635	PRPSAP1	sp|Q14558-2|KPRA_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.08
341	5709	PSMD3	sp|O43242|PSMD3_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	0.11
342	22950	SLC4A1AP	sp|Q9BWU0|NADAP_HUMAN	1	0.25	0.24	0.05	0.05	1.67
343	821	CANX	sp|P27824|CALX_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	0.09
344	498	ATP5A1	sp|P25705|ATPA_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	-0.53
345	2058	EPRS	sp|P07814|SYEP_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.43
346	7295	TXN	sp|P10599|THIO_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	0.66
347	9219	MTA2	sp|O94776|MTA2_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.36
348	292	SLC25A5	sp|P05141|ADT2_HUMAN	3	0.2	0.2	0.05	0.05	-0.33
349	3939	LDHA	sp|P00338-2|LDHA_HUMAN	1	0.15	0.15	0.05	0.05	0.1
350	2618	GART	sp|P22102|PUR2_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.52

351	79577	CDC73	sp|Q6P1J9|CDC73_HUMAN	1	0.23	0.23	0.05	0.05	0.62
352	1639	DCTN1	sp|Q14203-2|DCTN1_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	-0.22
353	5903	RANBP2	sp|P49792|RBP2_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.36
354	5718	PSMD12	sp|O00232|PSD12_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	0.21
355	10240	MRPS31	sp|Q92665|RT31_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	1.4
356	9774	BCLAF1	sp|Q9NYF8-2|BCLF1_HUMAN	3	0.22	0.21	0.05	0.05	-0.56
357	26227	PHGDH	sp|O43175|SERA_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.08
358	7818	DAP3	sp|P51398|RT29_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.82
359	8663	EIF3C	sp|Q99613|EIF3C_HUMAN	4	0.24	0.23	0.05	0.05	-0.57
360	8662	EIF3B	sp|P55884-2|EIF3B_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	-0.76
361	4691	NCL	sp|P19338|NUCL_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.09
362	4722	NDUFS3	sp|O75489|NDUS3_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.82
363	5634	PRPS2	sp|P11908-2|PRPS2_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.06
364	4673	NAP1L1	sp|P55209|NP1L1_HUMAN	3	0.22	0.21	0.05	0.05	1.61
365	4904	YBX1	sp|P67809|YBOX1_HUMAN	2	0.2	0.19	0.05	0.05	0.18
366	9861	PSMD6	sp|Q15008|PSMD6_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.61
367	5315	PKM2	tr|E7EUQ8|E7EUQ8_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.48
368	4678	NASP	sp|P49321-3|NASP_HUMAN	2	0.19	0.19	0.05	0.05	0.95
369	7453	WARS	sp|P23381-2|SYWC_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	-0.03
370	4052	LTBP1	sp|Q14766-4|LTBP1_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	-0.35
371	55746	NUP133	sp|Q8WUM0|NU133_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	1.36
372	9524	TECR	sp|Q9NZ01-2|TECR_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.79
373	3932	LCK	sp|P06239-3|LCK_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	1.47
374	10592	SMC2	sp|O95347-2|SMC2_HUMAN	2	0.21	0.2	0.05	0.05	0.71
375	51386	EIF3L	sp|Q9Y262|EIF3L_HUMAN	3	0.2	0.2	0.05	0.05	-0.89
376	6181	RPLP2	sp|P05387|RLA2_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.64
377	23450	SF3B3	sp|Q15393|SF3B3_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	-0.22
378	5832	ALDH18A1	sp|P54886-2|P5CS_HUMAN	1	0.25	0.24	0.05	0.05	0.88
379	54623	PAF1	sp|Q8N7H5-2|PAF1_HUMAN	1	0.19	0.2	0.04	0.05	0.29
380	6187	RPS2	sp|P15880|RS2_HUMAN	2	0.18	0.18	0.04	0.05	-0.12
381	23451	SF3B1	sp|O75533|SF3B1_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.09
382	3615	IMPDH2	sp|P12268|IMDH2_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.68
383	1933	EEF1B2	sp|P24534|EF1B_HUMAN	4	0.23	0.22	0.05	0.05	0.58
384	23107	MRPS27	sp|Q92552|RT27_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.87
385	10735	STAG2	sp|Q8N3U4-2|STAG2_HUMAN	1	0.22	0.21	0.05	0.05	0.97
386	5708	PSMD2	sp|Q13200|PSMD2_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	-0.29
387	10049	DNAJB6	sp|O75190-2|DNJB6_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.98
388	51150	SDF4	sp|Q9BRK5-2|CAB45_HUMAN	1	0.25	0.24	0.05	0.05	1.16
389	488	ATP2A2	sp|P16615-2|AT2A2_HUMAN	1	0.16	0.22	0.03	0.05	-0.2
390	6731	SRP72	sp|O76094|SRP72_HUMAN	1	0.24	0.23	0.05	0.05	1.29
391	5464	PPA1	sp|Q15181|IPYR_HUMAN	1	0.15	0.15	0.05	0.05	0.19
392	23269	MGA	sp|Q8IWI9-2|MGAP_HUMAN	1	0.15	0.15	0.05	0.05	-0.21
393	5710	PSMD4	sp|P55036|PSMD4_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.35
394	7407	VARS	sp|P26640|SYVC_HUMAN	2	0.18	0.18	0.05	0.05	0.32

395	26517	TIMM13	sp|Q9Y5L4|TIM13_HUMAN	1	0.19	0.2	0.04	0.05	0.09
396	2035	EPB41	sp|P11171-2|41_HUMAN	1	0.24	0.23	0.05	0.05	0.52
397	22827	PUF60	sp|Q9UHX1-2|PUF60_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.58
398	5805	PTS	sp|Q03393|PTPS_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.75
399	11091	WDR5	sp|P61964|WDR5_HUMAN	1	0.24	0.23	0.05	0.05	1.42
400	7957	EPM2A	sp|O95278-2|EPM2A_HUMAN	1	0.24	0.23	0.05	0.05	1.08
401	1665	DHX15	sp|O43143|DHX15_HUMAN	2	0.19	0.19	0.05	0.05	0.88
402	6748	SSR4	sp|P51571|SSRD_HUMAN	2	0.19	0.18	0.05	0.05	0.63
403	1457	CSNK2A1	sp|P68400|CSK21_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.34
404	79751	SLC25A22	sp|Q9H936|GHC1_HUMAN	1	0.24	0.23	0.05	0.05	1.17
405	8664	EIF3D	sp|O15371|EIF3D_HUMAN	3	0.21	0.2	0.05	0.05	-0.46
406	10342	TFG	sp|Q92734|TFG_HUMAN	1	0.25	0.24	0.05	0.05	0.66
407	51164	DCTN4	sp|Q9UJW0-2|DCTN4_HUMAN	1	0.16	0.22	0.04	0.05	0.01
408	873	CBR1	sp|P16152|CBR1_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	0.81
409	4174	MCM5	sp|P33992|MCM5_HUMAN	1	0.23	0.22	0.05	0.05	0.72
410	5537	PPP6C	sp|O00743-3|PPP6_HUMAN	1	0.21	0.2	0.05	0.05	0.59
411	142	PARP1	sp|P09874|PARP1_HUMAN	1	0.16	0.15	0.05	0.05	-0.07
412	4085	MAD2L1	sp|Q13257|MD2L1_HUMAN	1	0.25	0.24	0.05	0.05	0.96
413	6176	RPLP1	sp|P05386|RLA1_HUMAN	1	0.16	0.15	0.04	0.04	0.55
414	6188	RPS3	sp|P23396|RS3_HUMAN	3	0.2	0.19	0.04	0.04	-0.85
415	5688	PSMA7	sp|O14818-2|PSA7_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	0.51
416	5706	PSMC6	sp|P62333|PRS10_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.25
417	5682	PSMA1	sp|P25786-2|PSA1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.04	0.04	0.41
418	293	SLC25A6	sp|P12236|ADT3_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.56
419	5931	RBBP7	sp|Q16576|RBBP7_HUMAN	1	0.14	0.14	0.04	0.04	-0.43
420	8666	EIF3G	sp|O75821|EIF3G_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.39
421	7520	XRCC5	sp|P13010|XRCC5_HUMAN	1	0.18	0.18	0.04	0.04	-0.03
422	9967	THRAP3	sp|Q9Y2W1|TR150_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.87
423	5518	PPP2R1A	sp|P30153|2AAA_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.27
424	5052	PRDX1	sp|Q06830|PRDX1_HUMAN	2	0.16	0.16	0.04	0.04	-0.87
425	3837	KPNB1	sp|Q14974|IMB1_HUMAN	2	0.19	0.18	0.04	0.04	0.38
426	10856	RUVBL2	sp|Q9Y230|RUVB2_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.21
427	55291	PPP6R3	sp|Q5H9R7-2|PP6R3_HUMAN	1	0.19	0.19	0.04	0.04	0.12
428	6191	RPS4X	sp|P62701|RS4X_HUMAN	2	0.2	0.19	0.04	0.04	0.05
429	9255	AIMP1	sp|Q12904|AIMP1_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.82
430	7284	TUFM	sp|P49411|EFTU_HUMAN	1	0.14	0.14	0.04	0.04	-0.43
431	11052	CPSF6	sp|Q16630-2|CPSF6_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.75
432	3838	KPNA2	sp|P52292|IMA2_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.32
433	51520	LARS	sp|Q9P2J5|SYLC_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	-0.66
434	139324	HDX	sp|Q7Z353-2|HDX_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.11
435	140465	MYL6B	sp|P14649|MYL6B_HUMAN	1	0.2	0.19	0.04	0.04	0.82
436	989	7-Sep	sp|Q16181-2|SEPT7_HUMAN	1	0.17	0.17	0.04	0.04	0.49
437	5478	PPIA	sp|P62937|PPIA_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	0.34
438	832	CAPZB	sp|P47756-2|CAPZB_HUMAN	1	0.15	0.17	0.03	0.04	0.06

439	372	ARCN1	sp|P48444|COPD_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.35
440	7514	XPO1	sp|O14980|XPO1_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.14
441	56945	MRPS22	sp|P82650|RT22_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	0.62
442	9588	PRDX6	sp|P30041|PRDX6_HUMAN	2	0.17	0.16	0.04	0.04	-0.29
443	4522	MTHFD1	sp|P11586|C1TC_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.17
444	7317	UBA1	sp|P22314|UBA1_HUMAN	1	0.15	0.16	0.03	0.04	-0.15
445	4134	MAP4	sp|P27816-2|MAP4_HUMAN	1	0.15	0.14	0.04	0.04	0.31
446	7314	UBB	sp|P0CG47|UBB_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	-0.22
447	6229	RPS24	sp|P62847-2|RS24_HUMAN	1	0.14	0.14	0.04	0.04	0.34
448	6634	SNRPD3	sp|P62318|SMD3_HUMAN	2	0.18	0.17	0.04	0.04	0.8
449	5250	SLC25A3	sp|Q00325-2|MPCP_HUMAN	2	0.17	0.17	0.04	0.04	0.06
450	10801	9-Sep	sp|Q9UHD8-2|SEPT9_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	0.39
451	5589	PRKCSH	sp|P14314|GLU2B_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.33
452	84844	PHF5A	sp|Q7RTV0|PHF5A_HUMAN	1	0.16	0.16	0.04	0.04	0.44
453	6231	RPS26	sp|P62854|RS26_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	1.15
454	140807	KRT72	sp|Q14CN4-2|K2C72_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	0.59
455	1981	EIF4G1	sp|Q04637-3|IF4G1_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	0.64
456	11171	STRAP	sp|Q9Y3F4|STRAP_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.47
457	6949	TCOF1	sp|Q13428-2|TCOF_HUMAN	1	0.14	0.13	0.04	0.04	-0.25
458	11140	CDC37	sp|Q16543|CDC37_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.82
459	226	ALDOA	sp|P04075|ALDOA_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.23
460	83481	EPPK1	sp|P58107|EPIPL_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	0.13
461	5690	PSMB2	sp|P49721|PSB2_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.89
462	5684	PSMA3	sp|P25788-2|PSA3_HUMAN	1	0.17	0.16	0.04	0.04	0.68
463	9584	RBM39	sp|Q14498-2|RBM39_HUMAN	1	0.17	0.18	0.04	0.04	0.16
464	9733	SART3	sp|Q15020|SART3_HUMAN	1	0.19	0.18	0.04	0.04	0.61
465	23397	NCAPH	sp|Q15003|CND2_HUMAN	1	0.18	0.17	0.04	0.04	1.02
466	79861	TUBAL3	sp|A6NHL2-2|TBAL3_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	-0.23
467	9126	SMC3	sp|Q9UQE7|SMC3_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.41
468	5216	PFN1	sp|P07737|PROF1_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.04
469	10549	PRDX4	sp|Q13162|PRDX4_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	-0.26
470	5928	RBBP4	sp|Q09028-3|RBBP4_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.6
471	1072	CFL1	sp|P23528|COF1_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.35
472	55352	C17orf79	sp|Q9NQ92|COPR5_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.49
473	6741	SSB	sp|P05455|LA_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.03
474	6874	TAF4	sp|O00268|TAF4_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.63
475	5901	RAN	sp|P62826|RAN_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.08
476	2023	ENO1	sp|P06733-2|ENOA_HUMAN	1	0.13	0.14	0.03	0.03	-0.42
477	6745	SSR1	sp|P43307|SSRA_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	0.13
478	1973	EIF4A1	sp|P60842|IF4A1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	-0.11
479	57459	GATAD2B	sp|Q8WXI9|P66B_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.07
480	7431	VIM	sp|P08670|VIME_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.66
481	6222	RPS18	sp|P62269|RS18_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.65
482	3856	KRT8	sp|P05787|K2C8_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.27

483	10992	SF3B2	sp|Q13435|SF3B2_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.28
484	6737	TRIM21	sp|P19474|RO52_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.86
485	26292	MYCBP	sp|Q99417|MYCBP_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.22
486	3178	HNRNPA1	sp|P09651-2|ROA1_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.48
487	1153	CIRBP	sp|Q14011|CIRBP_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.31
488	6206	RPS12	sp|P25398|RS12_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.21
489	1213	CLTC	sp|Q00610-2|CLH1_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.89
490	5719	PSMD13	sp|Q9UNM6-2|PSD13_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.23
491	4869	NPM1	sp|P06748-2|NPM_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.34
492	3646	EIF3E	sp|P60228|EIF3E_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-1.11
493	6500	SKP1	sp|P63208|SKP1_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.37
494	6633	SNRPD2	sp|P62316|SMD2_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.36
495	10051	SMC4	sp|Q9NTJ3|SMC4_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.05
496	53615	MBD3	sp|O95983-2|MBD3_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.45
497	3251	HPRT1	sp|P00492|HPRT_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.09
498	26135	SERBP1	sp|Q8NC51-2|PAIRB_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.15
499	4735	2-Sep	sp|Q15019-2|SEPT2_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.04
500	6635	SNRPE	sp|P62304|RUXE_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.12
501	2597	GAPDH	sp|P04406|G3P_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.43
502	6234	RPS28	sp|P62857|RS28_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.36
503	144455	E2F7	sp|Q96AV8-2|E2F7_HUMAN	1	0.16	0.15	0.03	0.03	0.19
504	3184	HNRNPD	sp|Q14103-2|HNRPD_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.5
505	8243	SMC1A	sp|Q14683|SMC1A_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.17
506	5303	PIN4	sp|Q9Y237-2|PIN4_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.33
507	103910	MYL12B	sp|O14950|ML12B_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	0.02
508	5693	PSMB5	sp|P28074|PSB5_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.28
509	51639	SF3B14	sp|Q9Y3B4|PM14_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	0.16
510	5591	PRKDC	sp|P78527-2|PRKDC_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.78
511	6204	RPS10	sp|P46783|RS10_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	-0.17
512	6418	SET	sp|Q01105-2|SET_HUMAN	1	0.15	0.14	0.03	0.03	0.04
513	9349	RPL23	sp|P62829|RL23_HUMAN	1	0.12	0.11	0.03	0.03	-0.74
514	1654	DDX3X	sp|O00571|DDX3X_HUMAN	1	0.12	0.12	0.03	0.03	-0.36
515	9112	MTA1	sp|Q13330|MTA1_HUMAN	1	0.14	0.13	0.03	0.03	-0.39
516	57606	SLAIN2	sp|Q9P270|SLAI2_HUMAN	1	0.14	0.14	0.03	0.03	-0.22
517	23318	ZCCHC11	sp|Q5TAX3-2|TUT4_HUMAN	1	0.15	0.15	0.03	0.03	0.68
518	6421	SFPQ	sp|P23246-2|SFPQ_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.22
519	6742	SSBP1	sp|Q04837|SSBP_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	0
520	2079	ERH	sp|P84090|ERH_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.38
521	8667	EIF3H	sp|O15372|EIF3H_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.86
522	5713	PSMD7	sp|P51665|PSD7_HUMAN	1	0.13	0.12	0.03	0.03	-0.32
523	27335	EIF3K	sp|Q9UBQ5|EIF3K_HUMAN	1	0.13	0.13	0.03	0.03	