

Table S2. STARS analysis of Library B round 4

p-value=0 means <1.03950212016e-06, FDR=0 means <0.000156816319841

Gene Symb	Number of r	Ranks of perturbations	Perturbations	Most enrich	STARS Sco	Average Sc	p-value	FDR	q-value
A4GALT	4	2,3;4,5	AGTGAGATGCCAGGTGCCG;ACTGC	4	16.6971	10.223235	0	0	0
LAPTM4A	4	1,6;7,8	TTACCATGTACCAGGTCCCC;GCACCC	4	15.88062	9.7615876	0	0	0
UGCG	4	11;14;20;25	CCTTACGTAGCAGACAGACA;TCTTCT	4	13.90122	8.4805378	0	0	0
TM9SF2	4	10;12;21;37	TGGATAATATGCCTGTAACG;AAACAA	4	13.220173	8.338197	0	0	0
DUSP6	4	39;94;111;151	CATCGAGTCGGCCATCAACG;GTGCG	4	10.777072	6.5908506	0	0	0
SPTLC2	4	42;181;315;325	GCTCCAGGCACACTACAGAT;ACAAC	4	9.4454466	5.7684458	0	0	0
B4GALT5	4	22;30;49;396	GAGAGAAAAGAAGAGAGCG;TCACA	4	9.1021993	6.7482906	0	0	0
SPTSSA	4	43;54;106;2970	GTTCTACTACCAGTACCTGC;CTACCA	3	7.9423743	5.4217437	1.04E-06	0.0001372	0.0001372
TFAP4	4	114;177;421;1334	AGATCGCCAACAGCAACGAG;GCTTC	4	6.9923567	4.957591	5.20E-06	0.0006098	0.0006098
KLF5	4	307;1123;2207;2209	GTACCAGCTCTGAATACAC;GTCCTTG	4	6.1161972	3.696411	3.95E-05	0.0041713	0.0041713
KDSR	4	1130;1283;1732;2378	TTAATGAGCATCAATTACCT;TCACCAC	4	5.9881327	3.5763149	5.30E-05	0.0050894	0.0050894
MEM165	4	178;432;611;2780	ATAGACCCTGGGGTACTG;TGCCAI	4	5.7168009	4.2765509	9.15E-05	0.0080499	0.0080499
NEK9	4	639;1032;1215;3260	TTCCAGCTTCAAGCAGCG;GATAAC	4	5.4401097	3.6602808	0.0001767	0.0143547	0.0135646
ADNP	4	364;365;730;30179	GTAATAGCGATTACAGTAG;GGATGC	3	5.4319722	3.6654765	0.0001798	0.0135646	0.0135646
MLLT3	4	1185;1401;1884;3595	GGAATAAGTCATAATCAAAG;GTCGTG	4	5.2701845	3.3459818	0.0002723	0.0191734	0.0191734
HFE	4	532;767;897;52394	CGGTCTGCAAAGCATCAGG;ACTAGI	3	5.1645452	3.3089488	0.000341	0.0225031	0.0225031
TADA1	4	85;340;3484;4200	GCAAAACCTGGAAAACCCAA;GGCCA	4	4.9999829	3.666191	0.0005239	0.032544	0.0310409
ZNF217	4	236;740;1029;5187	AAGAAGTCTGGTTCACAGA;GCGCA	3	4.986454	3.6901725	0.0005291	0.0310409	0.0310409
SPPL3	4	416;614;1071;14945	CAGGCTCTGTTCTTCCAAT;TTAAATA	4	4.9345794	3.3310402	0.0006102	0.0339136	0.0339136
ARF1	4	780;993;1257;5734	GCTGATGTTCTGTACTCCA;CCCGCA	3	4.7270407	3.3912562	0.0009792	0.0517023	0.0517023
RALGAPB	4	2048;2718;4034;5120	CTATGGACTGACCCTTCCAT;GTCCTC	4	4.6559002	2.7521504	0.0011549	0.0580743	0.0580743
PARDB6	4	410;2114;3146;5448	TTATAGGTAGTAAGTCTCCA;TCTTCC	4	4.5480317	3.0249406	0.0014584	0.0700042	0.0700042
USP9X	4	2761;2972;3715;5983	ACAAGTGTATCTAACAG;TTTCCC	4	4.385304	2.6629919	0.0021227	0.0974579	0.0974579
HSD17B4	4	550;3467;5952;6070	GATTGACGCTCCCACTCCA;TGACA	4	4.3602253	2.6400371	0.0022599	0.0994346	0.0994346
C2orf24	4	779;1885;5666;6369	CGGTCTGGAGTAAGGTGCTG;ACTCC	4	4.2766951	2.725508	0.0027453	0.1159625	0.1159625
ST20-MTHF	4	447;1009;1891;33008	CAGGAGACTCACCTGAACCT;CACCT	3	4.198738	2.9332691	0.0032765	0.1330767	0.1306687
KDM6A	4	1730;1915;4870;6693	TGAGGAAAAGAAAATGGCGG;TCAGC	4	4.1904968	2.6662761	0.003341	0.1306687	0.1306687
TADA2B	4	898;2699;5739;6843	GGGCGGCTGGACCAGTCGCG;TCAG	4	4.1519939	2.5998638	0.0036351	0.1370967	0.1369055
SPTLC1	4	149;262;4049;15288	GCTAACTATGGCGACCGCCA;AAAGA	2	4.1347885	3.1517425	0.0037931	0.1381227	0.1369055
GCC1	4	1309;3155;6554;6969	GGTGTCTGGTATCCCAAG;CCTGG	4	4.1202982	2.4783634	0.0039439	0.1388243	0.1369055
SAMD15	4	110;270;66697;68546	GGAAGAGACTTCAAAGAG;TACCA	2	4.108757	3.1702348	0.0040499	0.1379579	0.1369055
SNRPD2	4	52;273;62835;63263	GGAGCTGCAGAAAGCAGAGG;GAGG	2	4.0991942	3.3276417	0.0041487	0.1369055	0.1369055
CCM2L	4	1838;6218;6688;7236	GATGTCTGCTGCTCCGCGG;GCAGC	4	4.0549858	2.2833394	0.004606	0.1473931	0.1473931
PSMA6	4	774;1601;2268;62298	GCATACTTACAACCACTCAAG;GTATGG	3	3.9641384	2.6461776	0.0055135	0.1712434	0.1712434
FAM184A	4	223;329;16685;56929	TTGAGGAGCTAAGACTTGAA;GGAGG	2	3.9377816	2.9322789	0.0057412	0.1732193	0.1732193
AK5	4	271;397;23289;24931	CTGAAGCGTGCAGAACAGCA;ACTCA	2	3.7753871	2.8091694	0.0075114	0.2203356	0.2203356
SPAG11A	5	282;318;20615;33042;647	AGGAGAAAGCTGTGACGGA;CCCC	2	3.747195	2.7388962	0.0078971	0.2253874	0.2253874
RNF165	4	231;426;4546;45025	ATAGCTCTCCCGTACGGCGG;GCAGA	2	3.714488	2.8993856	0.0083992	0.2334087	0.2334087
MAP2K4	4	1475;2180;2799;59726	GCATGCTGCTGACGGCCGGG;GACC	3	3.693255	2.3795974	0.0087318	0.2364308	0.2364308
SCUBE1	4	1586;2332;2885;27139	GCTGCAGTGTGAATCCAAC;TGACC	3	3.6543461	2.3378759	0.0094096	0.2484127	0.2484127
LSM8	8	140;216;20518;34958;462	GGATTCCGACCGGAGAGCGCG;GTTG	2	3.6379715	2.7338512	0.0097193	0.2503324	0.2503324
ADCY1	4	113;1366;2960;7752	CGGCCGCCGCTCCGCCGCG;TTCT	3	3.6213623	2.8516374	0.0100187	0.2518993	0.2518993
EZH2	4	1567;3038;3108;15566	TTATGATGGAAAGTACACG;TTATCA	3	3.5586914	2.233889	0.0113628	0.2790492	0.2790492
POLR3C	4	242;536;30978;59575	CCCAGGGTCTGAATCTCAG;TTGGT	2	3.5162652	2.7039317	0.0123784	0.2970814	0.293358
TAF5L	4	213;1358;3227;8043	TGCTCTGCTACTCTCAAACGC;AAACAC	3	3.5104602	2.7251548	0.0125011	0.293358	0.293358
SLC39A10	4	219;2363;3272;13278	TCTGATGTAAACTACCGAA;CCATTAC	3	3.4926907	2.5588647	0.0129844	0.2980771	0.2980771
HES1	4	1647;2446;3332;24136	CTTCAGCGAGTGCATGAACG;TGTCG	3	3.4693807	2.2577578	0.0136227	0.3060754	0.3060754
CERS2	4	304;2542;3531;53380	TTCTTCTGTCATAGAACA;GCTGCC	3	3.3950154	2.458902	0.0158223	0.3480898	0.3427781
TNFAIP8L2	4	327;3307;3539;21888	GCCTGTACTCCTTGACACA;GATCA	3	3.3921157	2.3744257	0.0159054	0.3427781	0.3427781
C2orf27A	4	277;635;5902;22852	TTGAGCCAGTGCCAGCACCA;CAGCC	2	3.3702078	2.648061	0.0166352	0.3513344	0.3456939
GNAT3	4	2317;3344;3607;49765	TTATGCAATGGCAAATACCC;ACTGGA	2	3.3677342	2.0915487	0.0166954	0.3456939	0.3456939
ZHX3	4	2862;3567;3636;18474	GGACCATCTTCATCAATG;AGATCT	3	3.3574783	2.043047	0.0170769	0.3467933	0.3467933
DUSP15	4	1527;2286;3664;26989	CGTATGTGATGACTGTGACG;CGCGC	3	3.3476547	2.2463673	0.0174366	0.3474162	0.3474162
C1QBP	4	392;659;10068;59856	CGCTGCGCGCAGGTTCCGAG;CCAC	2	3.3382659	2.5115106	0.0177505	0.3471216	0.3471216
FAM65C	4	1195;3553;3729;34528	CCAAGATGTACGGCACGCTG;GCAGE	3	3.3251416	2.1498192	0.0182162	0.3497517	0.3497517
CDK5RAP1	4	656;2831;3801;27210	GCGGACCAAGTAACTCCAAG;GCCTA	3	3.300666	2.2881548	0.0191902	0.3618733	0.3576467
TSPAN33	4	361;696;15187;36572	GACGAAGCCAGATCCCAAG;AGAGC	2	3.2912525	2.5056216	0.0195832	0.3628042	0.3576467
ZNF410	4	302;1890;3833;22821	TGAGTTAGAATCCAAATCCAG;GCACAC	3	3.2899392	2.5080248	0.0196435	0.3576467	0.3576467
ORAOV1	4	1083;3357;3889;71197	CCTCTCATCCGCCATCACGA;AGTAGT	3	3.2713853	2.1611181	0.0204013	0.3651481	0.3651481
SLTM	4	230;757;24473;37293	AACTATGTCTTCAAGCACAG;CCAGAC	3	3.2189956	2.5662356	0.022841	0.4020012	0.3982363
CNBD2	4	450;2950;4063;18919	GAAGCCTTCTGGAGAACAG;GATATI	2	3.2154273	2.3016573	0.0230042	0.3982363	0.3982363
2-Sep	4	36;781;28887;31754	TGATTTGGTCTCAAAGCCT;GGAGAA	2	3.1921673	2.953839	0.0242069	0.4122979	0.4122979
C17orf50	4	80;794;46545;48798	GGACAGGCGCAGCGAGGGCGG;ACGA	2	3.1779812	2.7737363	0.0250364	0.4196579	0.416068
ZNF629	4	1216;3673;4194;7624	GCACCTGTAGGCTTCTCCG;AGAGA	3	3.1748888	2.0882088	0.025162	0.416068	0.416068
C2orf27B	5	277;635;22852;42336;487	TTGAGCCAGTGCCAGCACCA;CAGCC	2	3.1520672	2.4451587	0.0263711	0.4284294	0.4252792
LBP	4	2676;3389;4359;29863	CACGCTGCCTGACTTCAACG;ATAGC	3	3.1256312	1.9884665	0.0278233	0.445173	0.4252792
MYO22	4	623;846;8427;10524	TTATCCCATCTCAGTAAACCG;TCTTAA	2	3.1234929	2.3055517	0.0279855	0.4410845	0.4252792
ANKRD28	4	1093;1832;4390;67567	CTACACATGACTGCTTCCA;TTAATG	3	3.1165897	2.2774738	0.0284158	0.4412811	0.4252792
SYF2	4	300;854;19974;34514	GATGGGAGAGGAAAAGAAG;GGTGC	2	3.115412	2.4573599	0.0284834	0.4359198	0.4252792
USP22	4	143;855;5600;13732	CCGAGCTGCGGACGCGCCGG;GATG	2	3.1144073	2.6799043	0.0285447	0.4306176	0.4252792
DNMT3B	4	22711;3846;4401;44524	GGTCCCTCCAATGAGTCTCCA;GGGA	3	3.1133971	1.9709458	0.0285936	0.4252792	0.4252792
LCN10	4	2866;3496;4488;60621	CGGTGCTCCTCGCCTTACA;GGTGC	3	3.0884306	1.9587186	0.0302225	0.4432631	0.4394466

FOXSA1	4 2851;3055;4498;8499	TGGCCATCCAGAGCTCACCG;GTAGC	3 3.0855927	1.9956938	0.0303784	0.4394466	0.4394466
NUSAP1	4 390;1353;4518;71387	TCATGATTCTGGAATTCAGT;GGGTCT	3 3.0799361	2.4961667	0.0308056	0.4396049	0.4396049
PODN	4 314;4243;4597;18069	TGAGACAAGGACTCACCCAGA;GCTCG	3 3.0578405	2.2004599	0.0323441	0.455405	0.4422316
GFOD1	4 1936;2155;4612;10740	ATCCCGCTGCTGAAAGACGA;GCTGA	3 3.0536891	2.1330206	0.0326528	0.4537026	0.4422316
ATXN7L3	4 523;4016;4618;19975	GCAGCCGAATCCGCCAACCCG;CATCC	3 3.0520324	2.1408767	0.032762	0.4493073	0.4422316
LY6G5B	4 601;927;33700;65844	CTGAAATGCATCTACAGAA;CTACAG	2 3.0450275	2.2739323	0.0332464	0.4501051	0.4422316
CPSF6	4 1116;4443;4657;17991	GCATTTCACAAAGGTGGTAG;GGACC	3 3.0413172	2.0035703	0.0334834	0.4475756	0.4422316
BCAS4	4 1001;3881;4687;12628	GCCGGAGCCCATGCGCAGCG;TGATA	3 3.0331372	2.0527565	0.0340634	0.4496375	0.4422316
XKR7	4 1999;2677;4699;22244	ACGACTACTCGGAGCCCGCA;AGTAA	3 3.0298802	2.0601152	0.0343316	0.4475828	0.4422316
POLR2C	4 670;3308;4700;57065	GCACCTACCCGGAATGACCCG;AGTGA	3 3.0296091	2.1516723	0.03434	0.4422316	0.4422316
OCSTAMP	4 598;4038;4810;16836	ATTGCTACCTGACAGACCTG;GGTATT	3 3.0001506	2.1031308	0.0365915	0.4655499	0.4601644
SUN5	4 50;977;5860;61349	CCCACAATCCAGACCCCGG;GCTGC	2 2.9999869	2.7741809	0.036604	0.4601644	0.4601644
DEFB116	4 992;4264;4853;25725	AATCCATGTGACCTTACCA;TTGAGC	3 2.9888223	2.0135607	0.0375302	0.4662574	0.4662574
PRR5L	4 4012;4444;4900;37659	GGGAAGGTGCTGAGCACGG;TCAC	3 2.9765573	1.8141312	0.0385271	0.4730765	0.4675265
ST20	4 447;1009;30208;36618	CAGGAGACTCACCTGAACCT;CACCT	2 2.9723708	2.3005347	0.038893	0.4720802	0.4675265
ITGA6	4 125;1010;11230;14328	AGAGAGCCAACAGAACGGGA;AATCC	2 2.9715222	2.5739898	0.0389605	0.4675265	0.4675265
NR2E1	4 3316;3482;4994;57349	TGCGCCGGCCTTCTTACCCG;GCACC	3 2.9523853	1.8960919	0.0406144	0.4818966	0.4811891
FSTL5	4 28;1038;37786;51534	TCTCCGTGAGATCCACACAC;GCAGT	2 2.9481004	2.886308	0.0410104	0.4811891	0.4811891
RREB1	4 206;1825;5041;27023	GCACAAGCAGACCCATGTGG;GGAAC	2 2.9404738	2.4562303	0.0417235	0.4841764	0.4841764
MID2	4 999;1058;9027;70624	TGAGCCATTAAAGAACCCAGG;GCCCT	2 2.9317597	2.110462	0.042552	0.4884232	0.4884232
AFF1	4 1408;4259;5160;11283	CATGGGCCGGACATAAGCCG;TCTGA	3 2.9108175	1.9396397	0.0445666	0.5060463	0.4928511
ZC3H12A	4 326;2913;5166;11863	AACACCGGGACGCCACCCAG;GCGGG	3 2.9093409	2.2490737	0.0447215	0.5024028	0.4928511
RMND5B	4 714;1088;7656;35260	GGGAGCTTGTGATCTCCAGG;GTGG	2 2.9078272	2.1689147	0.0448753	0.4988245	0.4928511
CHD4	4 417;1092;9115;42909	TGATGTTCCGAAACTATCAG;GCTATG	2 2.9046869	2.2815153	0.0451913	0.4971045	0.4928511
NNAT	4 1741;2219;5188;26639	GATGATGAGCAGTTCAGCCG;TCGGC	3 2.9039416	2.0890934	0.0452714	0.4928511	0.4928511
MCIDAS	4 120;4710;5237;71016	TCAGAACCATTCCCACAAA;GGGCG	2 2.8920001	2.2549918	0.0465416	0.5015098	0.5015098
CSK	4 1030;1140;7980;27028	GCTCCCGTGTGATCTTCCG;GTACA	2 2.8678892	2.072165	0.0490635	0.5233436	0.5216448
C2orf144	4 430;1144;11495;20322	CGCTGGGCTGGGCTCCCGG;GTGG	2 2.8648941	2.2550667	0.0493982	0.5216448	0.5216448
ENOPH1	4 341;5376;5386;49644	ACTGCACTCAAACAGCTGCA;GCAGA	3 2.8563815	2.0576935	0.0503275	0.5261964	0.5261964
TMEM139	4 232;1170;32014;48566	TGTGAGAAAGAAATAAGCAA;ACTCAC	2 2.8456815	2.377716	0.051552	0.5337151	0.5337151
SOBP	4 53;4566;5463;52044	GCCAAAACAAAATTACCCG;GCTGG	3 2.8383698	2.3634215	0.0524346	0.5375816	0.534099
C7orf61	4 3861;5047;5476;65792	GGTCATGAAGTCTTCCGAT;GCCAAC	3 2.8353546	1.7373471	0.0528161	0.5362862	0.534099
POU1F1	4 4631;5457;5502;64928	GCAGAGCCGTGAGAATTCAG;GTTGG	3 2.8293464	1.6928626	0.0535416	0.5384759	0.534099
EFNB1	4 4442;5383;5521;66063	TCTGCCCCGACGAGAAGCA;ATTGC	3 2.8249742	1.699911	0.0540312	0.5382735	0.534099
ARFGEF2	4 476;1200;13127;53207	CCACACATTGAAATTCATGA;ATGTAG	2 2.8240453	2.2129768	0.0541466	0.5343817	0.534099
TMEM244	4 5145;5498;5542;27074	ATAGTTTATGTTGAGCCATG;TAGTTA	3 2.8201597	1.675766	0.0546238	0.534099	0.534099
CLCA4	4 3228;4088;5642;35179	TGAGTGGCTCACCTCCGGT;GGAAC	3 2.7974886	1.8038381	0.0572755	0.5548895	0.5548895
SFPQ	4 485;1256;39863;64066	TCTACCTGCTGATATCACGG;GGAAGT	2 2.7850906	2.1895111	0.0588628	0.5650833	0.5650833
NOL4L	4 533;1634;5743;7756	GCAGAACCTCCACAGTCAA;TGCCA	3 2.7750071	2.296615	0.0602672	0.573353	0.5663647
TMEM189	4 423;4578;5756;9835	CCAACCCGAGTACACGAG;ACCAA	3 2.7721431	2.0421058	0.0606591	0.5719287	0.5663647
TENM3	4 939;1282;69669;70207	TCATGGTGTGTATCCACG;TCAAAC	2 2.7676015	2.0413026	0.0612755	0.572628	0.5663647
SNTA1	4 1072;4457;5781;15554	TCAAGACACCCTTCTCTGA;GGTGC	3 2.7666541	1.9167262	0.0613868	0.5686352	0.5663647
CREBBP	4 1158;1290;15764;22542	TGGACCTCTCCACCATCAAG;GCAGC	2 2.7622928	1.9950642	0.0620219	0.5695228	0.5663647
TBPL2	4 272;1295;28350;69777	GGACTGAGTCACTTACCA;GGTACA	2 2.7589918	2.3001808	0.0624928	0.5688999	0.5663647
BCOR	4 1671;4180;5829;8411	GTGCAGACTGGAGAATACAG;AGTTAC	3 2.7561835	1.8699616	0.0628618	0.5673681	0.5663647
RNF112	4 287;3640;5842;51869	CCTTCTTGTGGGAAAGAA;GATGT	3 2.753363	2.153739	0.063287	0.5663647	0.5663647
CPTP	4 295;1314;31090;45981	CCACAGCTGAGCAACCCGG;CCCG	2 2.7465655	2.2765424	0.0642048	0.5697506	0.5697506
UBE2NL	4 627;1320;29612;32273	GATGATCCTGTGGGGCAGCT;ACTTGT	2 2.7426794	2.1137904	0.0648119	0.5703449	0.5699439
SYCP2	4 793;2691;5923;18672	TATACCAGATTACAGGCCAG;GCATGC	3 2.7359337	2.0873793	0.0657672	0.5739685	0.5699439
ATP2C1	4 89;4901;5956;47889	GGTCAGATGTGGCAAGCAA;TGATG	3 2.7289033	2.2329915	0.0667766	0.5780005	0.5699439
MYLK2	4 2490;3579;5957;11325	GCTAGTITGAGGTTGGGCCA;GGTAC	3 2.7286909	1.8504409	0.0668265	0.5737297	0.5699439
PROCR	4 2088;5586;5961;35654	GGAGCATATGAAGTCTTTGG;GCTCAC	3 2.7278416	1.7526325	0.0669252	0.5699439	0.5699439
CXCL14	4 525;1365;9488;54768	GCACCTACCCGTCACACCGG;GGAGC	2 2.7140949	2.1371557	0.0689834	0.5827721	0.5827721
C2orf173	4 2275;2421;6043;34407	AGGTGTGATGATGATGAG;AGCAG	3 2.7105597	1.9646793	0.0695676	0.5830431	0.5830431
ARNTL2	4 4013;5702;6143;59491	GTCTTGTCCCTGGACTCACG;GAGTT	3 2.6898091	1.651582	0.0728764	0.6059642	0.6059642
TSC1	4 1360;1453;6206;22452	ACAGTGTCCCAAGTTCTCAG;ACTCC	3 2.6769147	2.1664587	0.0749689	0.6184934	0.6177068
L3MBTL1	4 2016;5741;6219;29346	AGATGGGTCAAAGACCCTGA;GTGCG	3 2.6742708	1.7321508	0.0754585	0.6177068	0.6177068
RELB	4 2143;3739;6256;25698	GCAGGGACAGATGCGCCGGA;CTACC	3 2.666777	1.837436	0.0767267	0.6232568	0.6225869
TLDC2	4 3623;4174;6283;9019	GTCTTCTGCACGTCAAGGGA;GAGTG	3 2.6613374	1.7384752	0.0776415	0.6258731	0.6225869
BPIFB1	4 1276;4961;6288;10266	CGTCATGTGGAACCTCCACGA;ACAGA	3 2.6603327	1.8283398	0.0778234	0.6225869	0.6225869
RBM38	4 5401;5738;6344;43989	ACACTACCAGCCCTCGCTC;GTACT	3 2.6491365	1.6019659	0.0797974	0.6335792	0.6335792
COX4I2	4 864;3987;6392;19670	GCTGACCCAGCCGAAAAGG;AAGGT	3 2.6396209	1.9347165	0.0816134	0.6431622	0.6431622
RAB40C	4 215;1503;45511;60144	TGGTGATGTCCATACCAAG;GGCTGC	2 2.6320786	2.2872906	0.0830282	0.6494647	0.6459968
HIST1H1B	4 3188;4072;6435;16783	GCAGTTTCTTGGCCACCATGT;AGTTGC	3 2.631159	1.7510267	0.0831966	0.6459968	0.6459968
EPPIN	4 1077;2005;6498;12595	AGAATGTGAATCCAAGAAA;GTCCTC	3 2.6188666	2.088169	0.0854273	0.6537047	0.6535427
EPPIN-WFC	4 1077;2005;6498;12595	AGAATGTGAATCCAAGAAA;GTCCTC	3 2.6188666	2.088169	0.0854273	0.6537047	0.6535427
TREX2	4 1115;1532;54004;56577	TCTTGGACCTGGAAGCCACT;GGAGC	2 2.6158233	1.9296654	0.086025	0.6535427	0.6535427
C17orf49	4 4175;4962;6544;28275	ATATACCCTTGCCTTCCACAG;GGTCGE	3 2.6099689	1.6573939	0.0871591	0.6574289	0.6574289
SYAP1	4 303;1556;14263;56745	ATCCTCCTGGAGCATGACCA;GGAGC	2 2.6026066	2.1988227	0.088604	0.6635877	0.6615455
MAP1LC3A	4 2551;4310;6594;12261	ACCGGCCCTTCAAGCAGCGG;CTGCG	3 2.6003708	1.7537123	0.0890614	0.6623159	0.6615455
KARS	4 2211;6324;6607;46301	GCTGCCATTCACCTTACCT;TATATG	3 2.5978876	1.6689464	0.0895843	0.6615455	0.6615455
TGM2	4 926;5240;6672;16983	AGTTGTAGTTGGTACGACG;ACGCT	3 2.5855473	1.8330784	0.0920781	0.6752391	0.6752391
IQCC-SCH1F	4 228;1598;8661;33578	GCAAACTTTCATCGTCCGCG;CTCCCC	2 2.5799712	2.2486024	0.0932579	0.6791747	0.6753464
FANK1	4 1139;1608;70383;73336	CTGGGCACCAAGCATCAGAG;GGTGC	2 2.5746715	1.9046776	0.0944273	0.6829813	0.6753464
PSG2	4 2655;3690;6733;64875	CAGCCACCAAAAGTTTCCGA;CAGTT	3 2.5740792	1.7822181	0.09455	0.6792163	0.6753464
SHROOM4	4 1474;1610;47299;69909	ACAAGCTGAAAGGCTCAGAA;GCCCA	2 2.5736156	1.8511368	0.0946508	0.6753464	0.6753464

PRC1	4 74;2097;6754;51200	GGAGCTAATTGGATTCCAG;TTAGCT	3 2.5701561	2.4410931	0.0953941	0.6760815	0.6760815
GALE	4 1192;1625;7158;28650	CCAGATCATGGAAGGCCACG;CCTGC	2 2.565739	2.092888	0.0962974	0.6779337	0.6771806
SPAG4	4 59;6204;6791;23849	AGAAAGCTCTTGAACACCCG;GTTGG	3 2.5632747	2.174319	0.0968317	0.6771806	0.6771806
NCOA3	4 1456;2778;6848;54091	CATGTGACTCCAGGACAA;GTAGAC	3 2.5527494	1.933407	0.099208	0.6892345	0.6892345
ZSWIM3	4 1603;2173;6883;30425	AATCAACAGGAAAGAACG;TCACA	3 2.5463314	1.9869056	0.1006384	0.694602	0.694602
LIMK1	4 5356;6632;6933;44554	TCTCCGGCTTATAGTCCAG;GCATCT	3 2.5372215	1.5274461	0.1027662	0.7046826	0.7003695
TMEM254	4 3549;5785;6949;17197	AGGTGTTGCAGCCATGGCTA;GGCGC	3 2.5343208	1.6108628	0.1034471	0.704775	0.7003695
CDK15	4 1473;1693;39451;58425	AGTTCAAGAGTAAAGGCCA;CATGAC	2 2.5309406	1.8299377	0.1042465	0.7056684	0.7003695
ALKBH6	4 1842;6170;6970;38671	CTCCACTCTGAACGGTTCCA;GGTGG	3 2.530524	1.6772057	0.1043525	0.7018869	0.7003695
PDGFD	4 1395;1698;54521;57520	GTACCATTATTAGAGGACGA;TTCAC	2 2.5284386	1.8398074	0.1047901	0.7003695	0.7003695
RAD17	4 2226;4771;7034;72887	TCATATTCTGATAAATGAGA;TCATAA	3 2.5190259	1.7168549	0.1070084	0.7106975	0.7106975
CLRN2	4 2937;5627;7052;34346	GCCCATGCTGACCAGAGCCA;TTTAC	3 2.5158117	1.635728	0.1077371	0.7110665	0.7110665
OGFRL1	4 2953;6027;7079;19031	TCAATGGGCAACCTGCTCGG;ATAAA	3 2.5110062	1.6152355	0.1089357	0.7145097	0.712686
NLRP14	4 1454;1746;35516;52004	TCACCAATAAGGATGCCTCA;GCCTTC	2 2.5047969	1.819516	0.1103889	0.719572	0.712686
VSTM2L	4 1696;2331;7116;7900	CGAGTTGCAGGAAAAGTGCC;GATCT	3 2.5044519	1.9456444	0.1104315	0.7154336	0.712686
GGT7	4 3259;6588;7153;22305	TGACCGTGAGCCCATCTGG;TGAGC	3 2.4979329	1.5750678	0.1121093	0.7218743	0.712686
MLL10	4 863;2448;7155;13181	GCCTGTCGCAATAAACCCG;TGCCC	3 2.4975815	2.0225202	0.1122153	0.7181779	0.712686
ARHGAP36	4 1186;1762;26400;72132	GATTGCGAAACAAATCCCCC;GCCTG	2 2.4970641	1.8575099	0.1123213	0.714526	0.712686
LCE3C	4 483;1765;53150;72527	GGTGAGGGACAACCTGGGAGG;TGAC	2 2.4956222	2.0456566	0.112707	0.712686	0.712686
RPL4	4 32;1792;52766;57311	TGTTCACTCTAGCGTCCAA;GCTAAT	2 2.4827573	2.6246754	0.1160822	0.7296598	0.7296598
BPIFA3	4 5292;5849;7288;14799	CATTCACTGTGCCCAAAG;CTATGA	3 2.4744415	1.5409221	0.1183089	0.7392553	0.7309142
CHD6	4 2798;2998;7296;27193	GCTAGCCACTGCAACCCCG;CGATA	3 2.4730637	1.7991364	0.1186872	0.7372572	0.7309142
HOXC10	4 2887;3232;7299;31567	TGTAACCTCCGAACCTCGTAGC;TCGTCC	3 2.4725474	1.7741561	0.1188037	0.7336647	0.7309142
NECAB3	4 1759;3824;7325;37896	CCCCAGGCTGAGAACCCCAT;TTAGA	3 2.4680822	1.7913358	0.1199658	0.7365343	0.7309142
REM2	4 1805;2509;7327;21378	GCTCACGACCAGGAAACCC;CTGCC	3 2.4677394	1.9044464	0.1200625	0.732867	0.7309142
RAC3	4 1774;1830;7631;52959	TTTCCCGTCCACCATCACGT;GTACTC	2 2.4649841	1.7592678	0.1208463	0.7334119	0.7309142
CXCL10	4 3123;3245;7363;42371	CTTATCTTTCTCCTTAAG;GATAAGC	3 2.4615858	1.7594474	0.1217444	0.7346405	0.7309142
NCOA6	4 3866;4425;7376;8558	GGCAAGACCATCCTTAGCCA;GCACA	3 2.4593713	1.6473682	0.1223463	0.7340777	0.7309142
MLL1	4 876;2443;7402;21290	GCAAGAAAGCCACCACGGAG;GCCCT	3 2.4549546	2.0067952	0.1235001	0.7368143	0.7309142
RRAGA	4 1669;5343;7414;16589	TTATTACCAGTCTGTCTGG;TTTGAT	3 2.4529215	1.7027787	0.1241082	0.7362826	0.7309142
AQR	4 3286;5408;7450;54448	TACGGTGTCCCAATCAATG;GTAACA	3 2.4468429	1.6091783	0.1258265	0.7423063	0.7309142
FAM209B	4 3497;5656;7462;46610	AGAAAACGACGGAACCCCA;GCACA	3 2.4448235	1.5888376	0.1264076	0.7415913	0.7309142
KRTAP4-2	5 1198;1489;27664;37446;51	GGCTCTGTGTGCTCTGACCA;GCAGC	2 2.426938	1.7754235	0.1290448	0.7446521	0.7309142
KRTAP4-4	5 1198;1489;37446;61392;61	GGCTCTGTGTGCTCTGACCA;GCAGC	2 2.426938	1.7754235	0.1290448	0.7446521	0.7309142
KRTAP4-12	5 1198;1489;36814;37446;4;	GGCTCTGTGTGCTCTGACCA;GCAGC	2 2.426938	1.7754235	0.1290448	0.7446521	0.7309142
IMPA2	4 90;1922;26457;41635	CCTGGAAGCACTCTCCCA;AGTGA	2 2.423477	2.3709952	0.1295417	0.7434568	0.7309142
AKR1C1	4 585;1923;22322;54452	CAGTGGATCTGTGCCACA;AATGAC	2 2.4230371	1.9686558	0.1296051	0.7398001	0.7309142
DRAP1	4 493;1925;48363;69458	GGACGGGAAGACAACCACA;AGAAC	2 2.4221581	2.0045624	0.1297465	0.7366253	0.7309142
TRIM7	4 1519;1928;16315;16426	GCCTCACTCGGCTCGCACCG;ACACT	2 2.4208413	1.76862	0.1299471	0.733819	0.7309142
B3GALT1	4 735;1931;33580;59751	ACTCAAGTCCAGAGAGCCG;ATTCT	2 2.4195266	1.9186548	0.1301249	0.7309142	0.7309142
OR11H1	5 333;1520;8915;45522;7201	ACACCACAGGACAAAAGCAA;ACATG	2 2.4095922	2.0345928	0.1315292	0.7348935	0.734469
GNB2L1	4 1614;1963;7880;69625	CATCATGTGGAACCTGACCA;TTAGTC	2 2.4056327	1.7486892	0.1321488	0.734469	0.734469
SYNGR2	4 1516;1984;16105;41829	GTAGCCCTCACCATAGATGC;GTACAT	2 2.3966408	1.7569224	0.1335448	0.7383421	0.7376185
TATDN2	4 1933;1995;12825;28452	GCCTGTGTCGGAACACTCGG;CCACA	2 2.3919698	1.7055437	0.1342195	0.7382071	0.7376185
OSCAR	4 770;2003;33453;53976	GCAGCGTAAATTCGCCCTT;GAAAAC	2 2.3885893	1.8933928	0.134811	0.7376185	0.7376185
LATS1	4 1101;2033;12870;39233	AAGAGGAGTGAAAAGCCAGA;TGATG	2 2.376035	1.8123911	0.1367527	0.7443861	0.7443861
ZNF33B	4 394;2049;40105;43651	AGAAGAACCTGAGGACTCGG;AGGTA	2 2.3694171	2.0259986	0.137811	0.7463049	0.7463049
HK2	4 1310;2069;24267;50667	CATCAAGGAGAACAAAGCGG;GTCTA	2 2.3612193	1.7690941	0.1392205	0.7500861	0.7495772
MAPK8	4 260;2078;23954;71133	ATTCTGTCTGGAATATTTCAT;GCATGAC	2 2.3575568	2.109156	0.1398359	0.7495772	0.7495772
UBXN2A	4 976;2099;35911;59539	TACCTGTTTCTTCTGTTTCAG;TCAAA	2 2.3490743	1.8239738	0.1412527	0.753348	0.753348
SPTY2D1	4 1874;2142;12971;27539	TCGTGGCCCTCACGAACTCGG;TCCCA	2 2.3319749	1.6817493	0.1442029	0.7652171	0.7652171
TFE1	4 356;2160;27901;28417	CACAATTCTGTCTTTACGG;CCACA	2 2.3249219	2.025441	0.1455251	0.7683725	0.7683725
STX16	4 1721;2191;8836;12457	TTAGATCCAGAAGCAGCGAT;GCTGG	2 2.312916	1.6893468	0.1476758	0.7758491	0.7737744
SLC39A6	4 1970;2196;18837;74541	GTAATGAATGAGCTTTTGGG;AAGGGT	2 2.310996	1.661271	0.1480137	0.7737744	0.7737744
ZMYND12	4 1579;2222;18182;19332	CATAGATATATTAGCCAGG;CATGCC	2 2.3010841	1.7008637	0.1499212	0.7798854	0.7744241
CCDC102B	4 733;2224;35781;44149	GTATTACAGGTATCCCTGGG;GCAGTC	2 2.3003266	1.8596289	0.1500636	0.7767996	0.7744241
TECPR1	4 884;2240;28340;50165	TGATCTGAACCACTCCCCG;ACGAT	2 2.294292	1.8172689	0.1512153	0.7789434	0.7744241
LRRC37A3	4 1633;2245;23792;27833	CGCTAGTGCCGGGCACTGAG;TGGG	2 2.2924153	1.6897086	0.1515677	0.7769685	0.7744241
TSPAN18	4 1555;2248;23214;52538	CACTGGCCCGAGCAGCTGGG;ACGAT	2 2.2912913	1.6990793	0.1518047	0.7744241	0.7744241
GPR158	4 299;2282;39645;61794	CTTGGCGCAGAACTCGCCG;GCAGC	2 2.2786604	2.0397003	0.1544284	0.7840213	0.7820631
HPSE2	4 1502;2305;22442;46333	AGCCAAGTAGAGGCCCCCG;GCAGC	2 2.2702258	1.6956048	0.1561623	0.7890307	0.7820631
ELMO2	4 823;2320;14587;48903	TCTGTACCAGAAGATAGCCG;AGGAC	2 2.2647717	1.8174967	0.1573952	0.7914729	0.7820631
TOX3	4 153;2328;29538;36516	GGATCGCTGAGGGCTTGAAA;ACAAG	2 2.2618777	2.1755215	0.1579877	0.7906872	0.7820631
BAX	4 104;2330;7604;25040	TCTGACGGCAACTCAACTG;AACTC	2 2.2611559	2.2585615	0.1581343	0.7876876	0.7820631
MLN	4 1810;2344;29386;29590	TCTGCCCTAGGAAAAGGAA;TGCCA	2 2.2561206	1.6507953	0.159233	0.7894369	0.7820631
AMPD3	4 1127;2349;24199;45163	GGTGGACACCATCATCCATG;GGAGC	2 2.2543298	1.7467004	0.1595875	0.7874971	0.7820631
ABHD16B	4 856;2352;18829;21789	CGGCGCGCACCTCATCCAG;CAGC	2 2.2532572	1.8034936	0.1598027	0.7848912	0.7820631
SUPT20H	4 187;2371;11659;31593	AGGAGATCAACCAAAATAGG;TTAGTC	2 2.2464969	2.1245533	0.1612528	0.7883469	0.7820631
SPATA31AE	4 1542;2376;15400;19426	TGAGGAAACAACATAGAAGGT;GTGGA	2 2.2447272	1.6775045	0.1616187	0.7864945	0.7820631
UFSP1	4 1521;2384;15034;62912	GCTCACTTCGGAGGGCCCCA;GGGG	2 2.2419037	1.6788833	0.1622247	0.7858224	0.7820631
ZBP1	4 480;2401;11041;18127	GCAGGATCTTTGTTCAAGG;AGTCCC	2 2.2359361	1.9171402	0.1635293	0.7885247	0.7820631
FGD4	4 891;2407;22682;41262	GCTCCCCCTAGAAGAAAGAG;ACTATC	2 2.2338403	1.7853921	0.1640064	0.7872308	0.7820631
GAP43	4 953;2431;32402;56180	TCTTCTCATAACAGCACAGCA;ACTCT	2 2.2255111	1.7671674	0.1659388	0.7929023	0.7820631
PEX11A	4 100;2432;39757;40439	TATTTGTTAGAGCCCAAAG;TCTCT	2 2.2251659	2.2490483	0.1660178	0.7897065	0.7820631
ERAP2	4 1900;2437;22123;56276	GGATGCATAGATGGACACCT;AGTTAG	2 2.223442	1.6247235	0.1663973	0.7879619	0.7820631
ZKSCAN8	4 1250;2439;26459;41604	AGTTGGATCAGAGCTTCTCG;GGAGG	2 2.2227536	1.7095094	0.1665584	0.7852038	0.7820631

HOXD9	4 1440;2445;29595;35009	TCTGGGGGCAAAACTACACG;GTTCTI	2 2.2206916	1.6794398	0.1670553	0.7840461	0.7820631
CXorf23	4 1464;2449;14175;24587	ACAAGCGAAAGACTTCACAC;TTAGAC	2 2.2193198	1.6753781	0.1673734	0.7820631	0.7820631
SERPIND1	4 932;2463;20338;53604	TTTTCTTGTGGAAAGTCGGCA;TCTCCC	2 2.2145369	1.7663333	0.1684825	0.7837776	0.7829099
EIF4A1	4 1972;2473;22756;61020	TGAGGTGCAGAAACTGCAGA;GGTTA	2 2.2111378	1.6111395	0.1693058	0.7841531	0.7829099
TMEM145	4 1950;2478;41120;53804	GTGCTCACAAACTCATCAG;TGCTTC	2 2.2094435	1.6125314	0.1697788	0.7829099	0.7829099
ZNF823	4 1319;2494;8108;35012	AAGACATGAAAGTCCACA;CCACAT	2 2.2040457	1.6891005	0.1710875	0.7855148	0.7852411
MYL1	4 2054;2502;58627;70114	CACAAATCCCACCAATGCAG;GATGGC	2 2.2013603	1.598139	0.1717715	0.7852411	0.7852411
GDF5	4 2520;2536;23942;24595	CTTCCTGCTGAAGAAAGGCCA;GTGTTI	2 2.1900456	1.5522746	0.1746384	0.794906	0.7920499
ADAM17	4 312;2545;21653;32903	GTAGACAGAGAACCACTGA;CTTTAA	2 2.1870769	1.9847807	0.1753536	0.7947357	0.7920499
DLL4	4 1703;2548;11177;52224	GGAAAGTCTTAAGGCAGACG;CTGCC	2 2.1860897	1.6280561	0.1756073	0.792484	0.7920499
ADA	4 1515;2556;8294;9418	TCCCAGCTAACACAGCAGAG;ATAGC	2 2.1834632	1.6504679	0.1762611	0.7920499	0.7920499
SLC8B1	4 2081;2584;31158;58317	CGTAGAGAGTGACAGCCAGA;GGATA	2 2.1743371	1.5820338	0.1786769	0.7995034	0.7995034
NCBP2	4 1184;2597;14742;47325	CGTCCCATTATGTACCAGCA;CTTCTC	2 2.1701349	1.6943994	0.179732	0.8008312	0.8008312
TMEM51	4 758;2635;17529;30714	TGTGTCTTCTTGACGCCAGG;TCAGG	2 2.1579755	1.7813909	0.1830033	0.8119811	0.8047969
TMEM53	4 916;2642;34579;67174	GGTGTAGTCCAGCTCTGCCG;TAATCC	2 2.1557555	1.7405615	0.1835865	0.8111603	0.8047969
PLAGL2	4 1779;2647;11939;13066	CTTTGCATTTGAATCCAGG;TGTGCC	2 2.1541735	1.603296	0.1840075	0.8096329	0.8047969
NAP1L4	4 979;2651;21742;50561	TAGAGAAGAGAAATTTACAC;TGCGGT	2 2.1529102	1.7252518	0.1843536	0.8077901	0.8047969
CXADR	4 55;2652;55833;66438	GGACTAAGCGTAAATTTGCA;AGATGA	2 2.1525946	2.3421884	0.1844326	0.8047969	0.8047969
CALU	4 508;2678;18665;44782	ACAAAAGCGCTGGATTTACG;TGAACC	2 2.1444341	1.8593238	0.1866998	0.8113373	0.8049023
C1orf198	4 500;2681;31887;45958	TCAATGCTGAGCGCTCCCGA;AGTCA	2 2.1434978	1.8622322	0.1869638	0.8091549	0.8049023
COQ10A	4 135;2687;36291;50710	ACCAGAGACTTCTTACACCA;GCCAAC	2 2.1416285	2.1424184	0.1875761	0.8084912	0.8049023
EML4	4 145;2694;36879;64190	ATAGCTGGCGTGGATAAAGA;ACATGC	2 2.1394531	2.125901	0.1882029	0.8078954	0.8049023
RASIP1	4 551;2698;17857;74120	GCAGCGCACTGTGCAGTGACG;GCGCI	2 2.1382126	1.8389468	0.1885376	0.8060556	0.8049023
CRCP	4 873;2707;34425;55611	GACTGCTGTGGAGATCCAGC;GAGTG	2 2.1354286	1.7404591	0.1893515	0.8062711	0.8049023
LYZL4	4 211;2712;16366;28394	GGAGAAGATGAAGGCATCCG;GGCTA	2 2.1338861	2.0422373	0.1897923	0.8049023	0.8049023
WDR70	4 349;2726;20857;73045	ATACCCTCACAGGGCTGAA;CATGAC	2 2.1295827	1.9320224	0.190995	0.8067629	0.8067629
ZNF471	4 729;2753;46390;48271	GATCCCTCACCAAGTATAC;AATTC	2 2.121348	1.7712925	0.1935449	0.8142766	0.8142766
KCTD15	4 1137;2771;49824;58302	GTGTGAAGCGAGGACCCGCT;GCTAC	2 2.1159047	1.6756581	0.1951561	0.8177971	0.8154202
ZNF540	4 354;2774;38167;38896	CTCTGATTCAGAGTAAAAGA;AGTGCC	2 2.1150011	1.9216865	0.195415	0.8156451	0.8154202
EMB	4 2024;2782;52498;54587	CGAGAGAAAAGGAACAAAG;TTATTC	2 2.1125964	1.556683	0.1961333	0.8154202	0.8154202
TRPC4	4 752;2808;11945;37621	TCGAGTGGATGATATTACCG;CTTCCC	2 2.1048306	1.7564913	0.1985771	0.8223429	0.8201121
NR1H2	4 199;2813;17806;44124	CAGTCACTGTGGGGCCGCA;CGAGC	2 2.1033457	2.0395769	0.1990272	0.8209873	0.8201121
LKSCAN1	4 2430;2819;11683;62599	GGAAATTTCAGCATCCGCG;CCTCC	2 2.1015675	1.5151208	0.1995917	0.8201121	0.8201121
LY6G6C	4 2641;2838;28918;69177	AGACAGGTGAGCAGCAATAA;AGTGA	2 2.0959626	1.4961423	0.2013713	0.8242175	0.8242175
MLLT6	4 2179;2897;21957;35871	GCAGACCTGTTCATCTCGG;GTGTGI	2 2.0788039	1.5251545	0.2069659	0.8438456	0.8327842
HLA-G	4 1018;2898;40310;63198	TAGCCCATCCGCGATGAAGCG;ACAGC	2 2.0785162	1.6799171	0.2070636	0.8409969	0.8327842
ACL	4 2422;2901;18524;74575	TCCTCTCCGAGGAAAGCCG;GCTTC	2 2.0776538	1.5038079	0.2073557	0.8389565	0.8327842
NCEH1	4 2883;2911;24251;68305	CCAGAAATGCAAATCTGCC;TGGTGT	2 2.0747859	1.4687077	0.208336	0.8397053	0.8327842
ZNF114	4 369;2919;66433;67344	CTTGGGGTGGAACTTACAG;AGGAG	2 2.0724989	1.8915553	0.2090792	0.8394968	0.8327842
RORB	4 589;2920;36811;54378	ACAATGGCGAGTTAGCACC;GCTGC	2 2.0722135	1.7917994	0.2091686	0.8366745	0.8327842
RPTOR	4 492;2924;20937;52186	GCAGAACCTGAGTTTGACAG;AGGTG	2 2.0710729	1.829452	0.2095584	0.8350706	0.8327842
EIF4A3	4 1484;2928;13013;48847	GTTGGCTGTGCAGATCCAGA;GGAA	2 2.0699339	1.5979167	0.2099119	0.8333343	0.8327842
RAD21	4 806;2938;24575;34238	GAGTAGTTCGAATCTATCAG;GGTTAG	2 2.0670935	1.7230401	0.2108588	0.8339586	0.8327842
HOMER2	4 431;2943;20785;28455	GATGCCCTGAGCAAGCAGG;GACAT	2 2.0656771	1.8549626	0.2113505	0.8327842	0.8327842
TRIM62	4 1850;2974;10870;67452	CTATCGGCGAGCCCTTCGAG;GCTGC	2 2.0569511	1.5468216	0.2144191	0.8417346	0.8417346
CA12	4 981;2988;31804;58167	GTTCTTTAAGATCACCAGC;TGTTC	2 2.0530414	1.674892	0.2157819	0.8439471	0.8437712
CELSR2	4 695;3013;37019;50003	GGTGAATCCTACCAGCTGA;GTAC	2 2.0461073	1.7437441	0.2182622	0.8504977	0.8437712
DNTTIP2	4 2358;3020;12866;63531	GTAGATGGTTCAGTCCCCTT;GATTAA	2 2.0441765	1.4923077	0.2189077	0.849877	0.8437712
ZNF749	4 64;3024;13792;44239	ATGGAACACACCCCTGAGCA;ATTGAC	2 2.0430753	2.2545986	0.2192695	0.8481632	0.8437712
KMT2C	4 2721;3031;8709;10978	AGAGGTGCAGGTGTCAACAA;CTAGT	2 2.0411518	1.4629806	0.2199316	0.8476197	0.8437712
OR8H1	4 1380;3043;29989;47979	TTACTATGCTGGGCAATGTG;ATAATA	2 2.0378653	1.5967349	0.2211354	0.8491598	0.8437712
C16orf52	4 2715;3053;27479;29522	CAGTGTGGTGACCCACTCCG;CCGCG	2 2.0351368	1.4603982	0.2222009	0.8501598	0.8437712
PXMP4	4 1771;3058;8981;26072	GTTCCGGAAGCCCTTAAGCA;ACGAG	2 2.0337761	1.5440045	0.2226842	0.8489334	0.8437712
RBM41	4 2129;3075;28035;65326	CCAGCTCTCCCTCCCAA;GTTTCA	2 2.029167	1.5049277	0.2244067	0.8524225	0.8437712
TEX261	4 2485;3077;27373;73257	GCTGTCGCTCTTCATCCAGG;GGAGG	2 2.0286265	1.4742862	0.2246052	0.8501187	0.8437712
FAM49A	4 446;3079;35339;39522	CTTCAGCTCATCGAATCGAA;GGATGC	2 2.0280863	1.8288701	0.22481	0.8478549	0.8437712
GRAMD2	4 1887;3082;59819;72598	CAGTGGCCAGAAAGCTTGA;GGTCC	2 2.0272768	1.5280154	0.2251063	0.8459509	0.8437712
RFPL3	4 1748;3086;46928;54550	GACGGTGCATCCACACTCCA;GGAAC	2 2.0261988	1.542849	0.2255023	0.8444342	0.8437712
FCAMR	4 1844;3099;34802;35627	TTTGCAGTCAACCAGCAGGA;GGTGC	2 2.0227052	1.5303504	0.22681	0.8463299	0.8437712
TMA7	4 2174;3100;10295;41840	TTCCGGAACACTTACCTTCG;CCTCAC	2 2.0224371	1.497425	0.2269233	0.8437712	0.8437712
PPIP5K2	4 1391;3122;26813;55978	AGGATTTCCACTGGACAAA;GATGG	2 2.0165617	1.5844569	0.2292736	0.8495191	0.8445057
RAB21	4 795;3124;22713;36463	AGTAAATGGACCCAATGCA;GTTTAC	2 2.0160297	1.7003952	0.2294639	0.8472512	0.8445057
CDK10	4 2994;3130;55562;66653	GCTCACAGTAAACCCATCAC;AACTTC	2 2.0144359	1.4313369	0.2300844	0.8465825	0.8445057
DFFA	4 1161;3134;13622;28761	GATGTAGATGAAACAGACAG;GCAATC	2 2.0133751	1.6200701	0.2304524	0.8449922	0.8445057
C7orf69	4 867;3154;18712;73836	ACATTTCCACATGACTTGGG;AGGCAC	2 2.0080926	1.6782357	0.2324233	0.84927	0.8445057
DTD2	4 512;3158;22558;27541	GCTGGCTTAAGCCATGGCTG;CTGGG	2 2.0070403	1.7889588	0.232941	0.8482265	0.8445057
SMAD3	4 2195;3168;23729;30674	CCACCAGATGAACACAGCA;GTTTCA	2 2.0044156	1.4865154	0.2338942	0.8487708	0.8445057
ARL8B	4 2394;3171;59387;62288	CTTCCTCCAGAAAGCGCAA;TTAAAC	2 2.0036299	1.4690685	0.234205	0.846988	0.8445057
CACNG6	4 603;3172;8235;19336	TGTGGAAGCGCTGCACCAAG;CTCAC	2 2.0033682	1.7523988	0.2343183	0.8445057	0.8445057
ANKRD35	4 2162;3198;9565;69289	TGAGCCACGGAGCTGACGCG;GCTG	2 1.9965934	1.4855973	0.237046	0.8514305	0.848935
TAF6L	4 1039;3199;7743;17928	TGAGCCGAGCAAGCTCCCGA;TCATG	2 1.996334	1.6345778	0.2371551	0.848935	0.848935
TREML2	4 2995;3234;66164;74436	CAAGGGGTACAGGATCCAG;TAAGG	2 1.9873078	1.4177095	0.2409098	0.859462	0.859462
GNAO1	4 1469;3250;9058;21996	TTACTTCACTGCTTCCACAA;TCTAGG	2 1.9832157	1.5566302	0.2425054	0.8622416	0.8622416
NAA20	4 294;3266;51777;53616	AATGAAATCTGTGCCAGT;GCAGGT	2 1.9791446	1.8935606	0.2442425	0.8655035	0.8632032
CCT6B	4 2535;3271;31432;43048	ACTGGCTGATGTCTTAACAG;GATAAA	2 1.9778767	1.4450368	0.2447757	0.8644922	0.8632032
PIWIL1	4 2603;3280;51256;70972	TTATCGTTAGCAGAGAGAG;GTTGAA	2 1.9755995	1.4387644	0.2456822	0.8648012	0.8632032

TMIE	4 2329;3285;18502;59104	GCTGCCCGGCAACCCCGCG;GGTC	2 1.9743373	1.4598141	0.2462487	0.8639157	0.8632032
RWDD3	4 3203;3291;10279;44317	TCAGAGTTAATCGAGATACC;TAACTC	2 1.9728253	1.3977809	0.2468663	0.8632032	0.8632032
ADAMTS1	4 2304;3325;28133;59759	CGACACGGCCAGTAGCCGCG;AATGC	2 1.9643115	1.4569197	0.2506635	0.8735994	0.8646762
B3GNT4	4 1573;3326;17111;68920	GGGAGCCCAGAAAGGCTGGT;GCAGC	2 1.9640625	1.5331261	0.2507601	0.8710615	0.8646762
GOLGA6L6	4 247;3328;17716;66526	ATCAACATCAGGAAGCCCTA;CTGACA	2 1.9635647	1.9231843	0.2509628	0.8689074	0.8646762
CNN2	4 1529;3330;19741;33075	TGGCCTCGAACAGGTCACCA;AGCTC	2 1.9630672	1.5383971	0.2511655	0.8667674	0.8646762
SOX10	4 1694;3345;44407;54861	GCTGGTACTTGTAGTCCGGG;GCACC	2 1.959346	1.5157545	0.2527622	0.8694362	0.8646762
APOL6	4 2009;3356;36581;56656	GAAGACGTGGAGCTACAAGA;GAGGC	2 1.9566283	1.4801798	0.2540148	0.8709079	0.8646762
TNIP2	4 3164;3360;23990;49750	GCAGCGCTACAACGCCAGCA;GCATG	2 1.9556423	1.3914944	0.2544608	0.8696135	0.8646762
SLC5A5	4 697;3370;18752;24245	GCAGACAGCGACAGGCCAC;AATTA	2 1.9531829	1.6966755	0.2556645	0.8709088	0.8646762
GTF2A2	4 2236;3371;15751;54781	CTAGATGAGCTCATAAGGT;TCTGTA	2 1.9529374	1.4571262	0.2557695	0.8684649	0.8646762
APOBR	4 564;3374;55749;63050	TCAGCTGTAGAACAGACCTG;ATTCT	2 1.9522012	1.7409916	0.2560938	0.8667791	0.8646762
SLC5A2	4 1049;3376;35711;72948	TGTGAGTCCGAGGAGCAGCG;TTGCC	2 1.9517109	1.6102748	0.2562913	0.8646762	0.8646762
HEXDC	4 2077;3405;56069;59466	CTGCACCCTGAACCCACG;GTGCC	2 1.9446348	1.4675645	0.2595034	0.8727248	0.870913
C1orf228	4 2755;3430;16302;23235	CTAGCCCAAGTATTTCCAA;CTATCC	2 1.9385855	1.4093088	0.262389	0.879628	0.870913
HAO1	4 664;3436;19692;39704	TGTTACGCACATCATCCAGA;TCATTG	2 1.9371406	1.6988963	0.2630866	0.8791753	0.870913
FOXJ3	4 2476;3439;7921;11980	AGATGAATCCTACCTTTCCA;TATTATA	2 1.9364191	1.4288892	0.2634389	0.8775758	0.870913
NBEA	4 2316;3446;22399;63013	ATATTTGGCTATAAGCAGCG;AGTTCT	2 1.9347383	1.441113	0.2642362	0.8774637	0.870913
LOXL3	4 641;3456;44475;73510	CAGCTCGCTGTATCTCCACG;GAGCG	2 1.9323433	1.7039502	0.2653589	0.8784295	0.870913
GSTT1	4 237;3459;22963;65176	TGGCAAAGTGTAAACAGCG;ATGCC	2 1.9316262	1.9161019	0.2657071	0.8768336	0.870913
PDK3	4 2339;3462;49819;57100	ATATGAAATAAGAGCCCTG;GAACCA	2 1.9309098	1.43726	0.266073	0.8753057	0.870913
MAGEC1	4 1014;3465;39401;50110	ACAACCTCTGAGGACTCTCCAG;AGGAC	2 1.930194	1.6065755	0.2664088	0.8736885	0.870913
CHFR	4 3163;3472;19292;22286	GGATGAGTGTCTTCCACG;AAATGC	2 1.9285264	1.377996	0.2672207	0.8736378	0.870913
NSL1	4 2541;3473;10508;57094	AAAGTCTTCTCGGGGAGTGG;ACAGT	2 1.9282885	1.4197836	0.2673485	0.8713581	0.870913
NYAP1	4 3379;3478;9873;49187	GCTTCTGCGGGAACCTTC;CAGAG	2 1.9270999	1.3649085	0.2680367	0.870913	0.870913
FAM209A	4 2276;3497;14296;16940	CCGTATTGCACCTTCCCCTG;AGAAA	2 1.9225996	1.4384669	0.270203	0.8752587	0.8724234
E2F5	4 2895;3498;25397;68275	ACCTCCAGTTGTGTACAGA;ATAACT	2 1.9223634	1.3917034	0.2703142	0.8729413	0.8724234
CNRIP1	8 1313;3707;5024;15276;25	GGAGCCGGTGAGCAGCTTGA;TCTGT	3 1.9196123	1.3731211	0.2716822	0.8746841	0.8724234
FAM193B	4 764;3515;8548;68910	GCTCCGCGCGCGCTCCCGA;GGAA	2 1.9183598	1.6599239	0.2722789	0.8739407	0.8724234
RASL12	4 1648;3518;27049;58925	AGAGGACACCTACAGCTCCG;GGCCA	2 1.9176554	1.5004769	0.2726323	0.8724234	0.8724234
PTH1R	4 1513;3532;11711;50544	GGTCTCTTAGCGGGCTGCA;CCTGC	2 1.9143766	1.5161937	0.2743059	0.875127	0.875127
BCCIP	4 2461;3543;16724;44225	GGAAAAGGATGAAGAGGACG;CGCTC	2 1.9118099	1.4177689	0.2756011	0.8766108	0.8766108
AKAP5	4 3382;3558;23213;48638	TCTTCTTTGAAGCAAAGCA;GATCAC	2 1.9083235	1.355355	0.2773849	0.879635	0.879635
LTBP2	4 1659;3581;23794;44918	GCTGGAGTCTGACTACCACG;GCAAC	2 1.9030077	1.4918066	0.2800315	0.885369	0.8800181
COBL	4 409;3586;46757;61726	CCAGCCCATGAAAAGGCAA;TCTCC	2 1.9018568	1.7842365	0.280599	0.8845152	0.8800181
SLC16A11	4 647;3588;21839;59721	GAAGCGCCAGGACACTGCG;GTGT	2 1.901397	1.6865068	0.2808392	0.8826374	0.8800181
CHIC1	4 646;3589;31266;50796	GATACCGACGACGACGACGA;CGGCA	2 1.9011671	1.6867189	0.2809462	0.8803538	0.8800181
ACOT8	4 3290;3604;12536;63690	GCTGCCAGTACTGTACCAAG;AAGTG	2 1.8977277	1.355206	0.2826677	0.8831273	0.8800181
RTCB	4 1889;3606;16926;69467	TGGACTGGTCTTAAGAGAA;AATGT	2 1.8972703	1.4628	0.2828974	0.8812379	0.8800181
ABHD6	4 3192;3610;38567;64615	CCCTCCATCTTACAGTCCGA;GTATG	2 1.8963562	1.3601932	0.2833392	0.8800181	0.8800181
ASPHD1	4 1544;3620;15558;39596	GGAAAGGAAACAGTCCAGCG;GTAGC	2 1.8940757	1.5019151	0.2845699	0.8812489	0.8806675
UQCR11	4 1750;3643;23503;55894	TGACCAGCTCCCGGTAGCGT;CTCCT	2 1.8888557	1.473947	0.2872903	0.8870719	0.8806675
CCDC39	4 134;3645;19016;48734	ACTGGAAGTTCTATTACAG;GTAGTC	2 1.8884034	2.0174116	0.2875294	0.8852217	0.8806675
SFTA3	4 3596;3675;35193;68613	CAGGGCAGACTTACACAAAG;ATACA	2 1.8816506	1.3306536	0.2909826	0.893249	0.8806675
BIRC7	4 2493;3676;11868;49043	GGTGGCAGCTCAGCAGTCCAG;CCAGC	2 1.8814265	1.4000605	0.291097	0.8910099	0.8806675
FCRLB	4 3070;3679;43282;74242	GGACTCACCCAGGAGCAGAA;TCAAT	2 1.8807547	1.359744	0.2914556	0.8895292	0.8806675
PCDH9	4 3008;3680;21707;22476	GGTCCCATTTTCATTGAAG;CCCTCC	2 1.8805308	1.3634986	0.2915544	0.8872663	0.8806675
OCRL	4 2243;3684;50482;51598	TGGTACAAAGAGCTTCCGCA;TTATTC	2 1.8796362	1.4198599	0.2920658	0.8862686	0.8806675
LRRC34	4 2022;3686;27267;29819	CTCCTCTCACCCACTGGCCG;CTGAG	2 1.8791892	1.4401762	0.2924223	0.884808	0.8806675
MSTO1	4 1801;3687;71758;73478	TGAATCATACAGACTGCCG;AGATCC	2 1.8789658	1.4632199	0.2925502	0.8826657	0.8806675
TMEM102	4 886;3693;60246;67445	CTTCTGGTGGGATTCGCGA;ACGTG	2 1.8776269	1.6084633	0.2931957	0.8820931	0.8806675
XAGE2	4 544;3701;25712;53786	ATAGCCCAATCAGTCCAGG;TCTCT	2 1.8758452	1.710478	0.2941147	0.882344	0.8806675
CDK9	4 1920;3709;38760;43868	CGAGTCGTAAGCTTTGCCA;CCGCG	2 1.8740676	1.4479415	0.2951022	0.8827986	0.8806675
BRWD1	4 2783;3718;14008;66246	TATCCGCCCGTACCTAT2GCG;GCTCT	2 1.8720727	1.3741102	0.2961822	0.8835266	0.8806675
CYB561	4 973;3730;31896;34849	GCGTGGCTCGGGCTGTACCG;GAAG	2 1.8694207	1.584789	0.2975512	0.8851102	0.8806675
C8orf88	4 2013;3740;13800;49225	TGTATGCAGTGTGTTGCA;GGAGA	2 1.8672175	1.4350783	0.2988433	0.8864567	0.8806675
PDS5B	4 2470;3747;26281;39344	CAAATTTACACATCCAGG;TATCCAI	2 1.8656791	1.3939919	0.2996625	0.8863966	0.8806675
CYP2C19	4 789;3756;42574;47712	TGGCCTTACCTGGATCCAGG;GCATG	2 1.8637055	1.6258252	0.3007259	0.8870574	0.8806675
TMEM106B	4 975;3766;41732;57709	GGAACAGGAAGAATCCTAG;CTGAA	2 1.8615185	1.5804097	0.3019192	0.8880967	0.8806675
NRBP1	4 982;3775;36809;73086	ACCATCTTATCCAGCACAA;GGATA	2 1.8595554	1.5779366	0.3030253	0.8888741	0.8806675
CTGF	4 2869;3779;29226;48231	CGAGCCCAAGGACCAAAACCG;GGAG	2 1.8586846	1.3615871	0.3034962	0.8877893	0.8806675
IGFBP3	4 1545;3780;64752;67974	TAGCGTTGACGCAGAGCCCG;ACTCT	2 1.858467	1.483979	0.3036011	0.8856431	0.8806675
ZNF155	4 3658;3787;11002;65018	ACAGGACAGAAACCTTCCCA;TGTTCT	2 1.8569457	1.3151575	0.3044504	0.885674	0.8806675
SPATA9	4 679;3790;61708;68815	GAAAACATCCAAAATCAGGA;TGCCAA	2 1.8562947	1.6537545	0.3048932	0.8845255	0.8806675
PSPH	4 2951;3791;30630;32208	TGGTCTCCCACTCAGAGCTG;GATGA	2 1.8560778	1.3549086	0.3049962	0.8823998	0.8806675
SIGMAR1	4 3663;3810;10922;20511	GCTGCTCCTGGCTGTCCAG;GCTCC	2 1.8519682	1.312418	0.3072685	0.8865452	0.8806675
MDGA2	4 2356;3815;26766;27659	GCATCATCTGAGGTGATGG;GTCCAC	2 1.8508903	1.3958309	0.3079057	0.8859631	0.8806675
TLL7	4 1171;3823;38776;59523	GGAAACGACGAGACCAAGT;AATTC	2 1.8491689	1.5361932	0.30886	0.8862939	0.8806675
MAPK7	4 1068;3835;23044;62646	TCAAAGGCAAAGTCAAAGGG;GCTG	2 1.8465938	1.5539865	0.3103704	0.8882144	0.8806675
C7orf55-LU	6 615;3910;7411;20742;275	CCATGACCTGGCTTAAAGAG;GCTCC	3 1.8452292	1.5496198	0.3112207	0.8882407	0.8806675
PDCD4	4 1372;3848;35067;63446	AATCTTGGTGAATGAAAAG;GCAGTA	2 1.8438138	1.5009006	0.3120606	0.8882372	0.8806675
CAV3	4 284;3857;34127;44595	TCAAAGCTGTAGGTGCCAC;CCAGC	2 1.841895	1.8323627	0.3131812	0.8890305	0.8806675
CLDN19	4 1053;3858;23099;38943	TAGGTACATCCCACTCAGCG;TAGTTG	2 1.8416821	1.5544693	0.3133215	0.8870443	0.8806675
RPS17L	4 486;3859;51093;73315	CACCAAACCGTGAAGAAGG;AGCTC	2 1.8414693	1.7172619	0.3134442	0.8826588	0.8806675
RPS17	4 486;3859;51093;73315	CACCAAACCGTGAAGAAGG;AGCTC	2 1.8414693	1.7172619	0.3134442	0.8826588	0.8806675
EVL	4 711;3860;51444;56945	ACAGAGTATCTGCCAAGCCC;GTTGT	2 1.8412565	1.6365172	0.313571	0.8806675	0.8806675

NSUN7	4 3650;3868;34580;73804	TTTCCACCCTGACAGAGGCA;AGACT	2 1.8395563	1.3068648	0.3145377	0.8810394	0.8810394
GRK82	4 2567;3884;16164;34624	TCAATCTGCTCAATGCAGAG;TTTGCA	2 1.836167	1.371747	0.3164962	0.8841798	0.8812777
DFPB129	4 1549;3885;16620;18352	TCACCTGGTACTGATGCATG;CTACAG	2 1.8359557	1.4721976	0.3166178	0.8821857	0.8812777
ALX1	4 488;3896;36315;65098	GCTGCTGTCTGACAGGGCG;TATCC	2 1.8336348	1.7124705	0.3180721	0.8839055	0.8812777
UTP23	4 2999;3899;40102;47496	GTCTCCCCATGAGGTTAGCG;GCTGCG	2 1.8330031	1.3403036	0.3184359	0.8825939	0.8812777
KLC4	4 556;3902;17826;31302	ATTGAGTGTCTGACAGCAGG;GGCTA	2 1.8323718	1.6841088	0.3187955	0.8812777	0.8812777
GADD45G	4 3908;3917;25392;42019	TGGCTCCTCCGACAGGATGCA;GCTGCG	2 1.8292233	1.2892378	0.3206812	0.8841759	0.8826475
ZDHHC24	4 2381;3920;32377;58686	GAGCAGTGTCCGCTGCGTGG;AGTTTC	2 1.8285951	1.3826164	0.3210409	0.8828624	0.8826475
MTX1	4 265;3939;10450;52749	GAAGAAGCCTCGCTCCCGG;ACGTCG	2 1.8246285	1.8385993	0.3235502	0.8874521	0.8826475
CCDC37	4 3952;3953;12153;22328	TCAAGCGGAGAGAGATCCAG;TCTTGG	2 1.8217187	1.2834594	0.3234223	0.8900557	0.8826475
MDH2	4 454;3966;13425;42438	TCTCCTGAAGAACAGCCCT;TGTGTC	2 1.8190266	1.7205499	0.3270076	0.8922999	0.8826475
ZBTB46	4 3222;3969;9490;20895	GCTGGACATCAGCATCAAG;CGTTCC	2 1.8184067	1.3194605	0.3274203	0.8911233	0.8826475
GPR75-ASF	4 3279;3975;20471;24554	GCGGCCTCTACCTGCCGGG;TAGTCT	2 1.8171683	1.3155532	0.3282062	0.8909658	0.8826475
PWP2	4 710;3981;30926;57361	TTAACCTCATCCACTCCCTG;GCAGCT	2 1.8159319	1.6241517	0.3289785	0.8907726	0.8826475
STK38	4 3781;3986;9908;45567	GCTTGTTCAGAAAGAAAGATA;GGAAC	2 1.8149031	1.2880838	0.3296136	0.8902098	0.8826475
TMEM263	4 3480;3990;9635;26353	GGTATCTTCAGTGTACAAA;GATGCA	2 1.814081	1.3029269	0.3301376	0.8893502	0.8826475
ASCC3	4 3624;3992;60186;62849	TTTATTATAATTATCTTGGC;TTGCTTG	2 1.8136703	1.2952358	0.3303943	0.8877771	0.8826475
DEFB121	4 1494;3998;15967;66281	CTGTTTACCTGGGGTGACCT;CTCCTC	2 1.8124396	1.4678002	0.3311615	0.88758	0.8826475
ATP4B	4 3311;4002;15955;29639	GTACTACGTGGCCTTCTACG;GCACG	2 1.8116201	1.3109622	0.3317831	0.8869948	0.8826475
CXXC4	4 226;4004;22921;45646	ACCACCGAAACGACTCCAG;GCTGCG	2 1.8112107	1.8661179	0.3320274	0.8854063	0.8826475
UBTD2	4 1650;4006;50802;56488	GTTCTCGTTGAGGCTGCCCG;TGGAC	2 1.8108015	1.4468044	0.3322924	0.8838812	0.8826475
PCDHGB2	4 3428;4009;48614;73929	CCTGTTGCTTTTGTCCCGC;GCTCC	2 1.8101882	1.3037741	0.3326833	0.8826974	0.8826475
FAM127B	5 871;3139;9377;31278;528	GTTCTCGTCCAGCACTCCAG;TTCCTC	2 1.8088499	1.5317424	0.3335003	0.8826475	0.8826475
MSMO1	4 2997;4032;16329;16739	TATTACGCTTCCATTCCAAA;ATTGGG	2 1.805502	1.3266798	0.3357072	0.886267	0.8857842
SLC29A3	4 848;4037;13922;37672	GCAGTGATAAAGAAAGTTCCA;GCTGCG	2 1.804487	1.5810769	0.3363631	0.8857842	0.8857842
PLAC1	4 2966;4052;12349;68094	TGATGCCACATTCAGTAACA;TGAACC	2 1.80145	1.32663	0.3382498	0.8885369	0.8884431
TAAR1	4 1686;4057;45448;72225	GATCACACACAGCATAGTAG;TTCCAA	2 1.8004404	1.4372582	0.3390554	0.8884431	0.8884431
LIMD1	4 1971;4086;45231;50741	CGAGTTTGAGGAAACTCGCA;GTAGA	2 1.7946104	1.4029769	0.3428018	0.8960364	0.8910281
PINK1	4 2744;4106;21885;64676	CCCAGCCTGGACGCTCCCGG;CCTCA	2 1.7906153	1.3360928	0.3455679	0.9010364	0.8910281
PSMA8	4 2629;4107;25560;51083	AGTTGAATATGCCAGGAAG;ATTAAG	2 1.7904161	1.3442495	0.3456916	0.8991388	0.8910281
PCGF1	4 2150;4108;25809;61369	GCTCCAGTCAGTGTAACAAG;ATTGTT	2 1.7902169	1.3835099	0.3458309	0.897291	0.8910281
SUN2	4 1466;4109;32636;63781	AGGCACGTCAGCAAGAGCAG;TAGCC	2 1.7900178	1.4604485	0.3459484	0.8953958	0.8910281
PRKAR1A	4 4041;4118;21676;56240	GGAGAGACTGTGATTCAGCA;GCTGCG	2 1.7882282	1.2626983	0.3471802	0.896387	0.8910281
SS18L1	4 1868;4123;12883;24072	CCTGGACCTGTGATTCAGAG;GTACC	2 1.7872358	1.4100224	0.3478985	0.8960507	0.8910281
DLGAP4	4 3090;4126;19003;32927	CAGCTCTGAAAAGTGAACAA;GTCGCG	2 1.7866409	1.3114559	0.34828	0.8948508	0.8910281
SCAI	4 2133;4133;11866;47224	GGAAAGTCCAGCAGCAGCAT;GGAGC	2 1.7852547	1.3825999	0.3492478	0.8951593	0.8910281
SLC12A9	4 3639;4135;18507;39574	GCTGGCCTACCCGGCTCCG;ACCTCT	2 1.7848591	1.2800708	0.3495076	0.8936563	0.8910281
SGK223	4 2563;4142;13736;15278	TCACACCTTCATCTCCAGG;TCTATG	2 1.7834761	1.3457041	0.3503891	0.8937462	0.8910281
DNAJC27	4 2137;4149;8890;27538	AGTCAATTCGAATTTGTTGCC;CCTTTG	2 1.7820957	1.3806495	0.3513496	0.8940367	0.8910281
HOXA11	4 3493;4150;17972;64183	CAGTGGGCTCAGATTGCCGG;GCCAC	2 1.7818986	1.286145	0.3514785	0.8922147	0.8910281
CCDC30	4 1550;4153;9245;22777	ACTAAATACAACCAGCAAG;ATGAGC	2 1.7813079	1.4447424	0.3518548	0.8910281	0.8910281
ABCA5	4 3346;4173;34784;67118	GAAATAGATACCTTCCCGG;ATACAA	2 1.7773813	1.2918789	0.3546251	0.895895	0.8926896
CDH19	4 665;4176;31338;31903	CGAGCATTATTACCCTTTGA;GTACCA	2 1.7767941	1.618405	0.3550295	0.894776	0.8926896
DCAF8	4 1248;4189;10664;48372	ACCAGCTCCCGCTCCCGG;CTCTCT	2 1.7742545	1.4855899	0.3568372	0.8971906	0.8926896
OR7G1	4 1122;4196;8820;58263	AAAGAGAAAGAAAGTACATCG;TTAAAC	2 1.7728905	1.506902	0.3577862	0.8974401	0.8926896
PNMAL2	4 1096;4202;14317;70618	GCTGGTCCCCGGATCCCGG;CGACA	2 1.7717233	1.5111794	0.3586095	0.8973736	0.8926896
ROBO2	4 344;4204;58832;73492	AGGATGCTCCCAAGTCCCGG;GTAATT	2 1.7713346	1.755988	0.3588663	0.8958931	0.8926896
NUP54	4 3746;4206;17869;43979	AGGGGGATCACTCACCCGCG;GTATT	2 1.7709462	1.2678033	0.3591158	0.8944015	0.8926896
PHIP	4 1523;4207;19897;27801	AGGAAGTTACTCCCATCTGA;ATATGG	2 1.770752	1.4430399	0.3592738	0.8926896	0.8926896
KRBOX4	4 2609;4225;10784;23908	GCTTGAGAATCACTGACCC;TGCCC	2 1.7672655	1.3341516	0.3618237	0.896915	0.8968171
TSGA13	4 2283;4231;16822;35061	GATGGACTGTGTAATGCCGA;ACAGTC	2 1.7661068	1.3596166	0.3626334	0.8968171	0.8968171
PSKH1	4 162;4248;9405;32672	TCACTCTAGTGCCACTGAA;GTACAA	2 1.7628334	1.9136663	0.3649536	0.9004463	0.9004463
FYN	4 2187;4255;30829;64446	CCGTGCTTCATAGTCATAA;TTGTCC	2 1.7614896	1.3657735	0.3658954	0.9006656	0.9006656
KRTAP4-11	4 128;4299;28266;57166	GCCACAACAGAGTTTACCA;GTGTG	2 1.7530967	1.9596533	0.3721688	0.9139773	0.9095068
COX6B2	4 2746;4300;30332;41932	GGGAAGCGGGGTGCAAGGG;GGAA	2 1.752907	1.3170986	0.3722998	0.9121776	0.9095068
TNNC2	4 2220;4302;57542;70169	GCTGGAGCCATCATCGAGG;GCAGA	2 1.7525278	1.358337	0.3725482	0.9106734	0.9095068
TMX3	4 2946;4307;33017;65988	ACCTGTGGCGCAGAGCCGCA;CTACA	2 1.7515805	1.3029828	0.3732592	0.9103043	0.9095068
RPL13	4 167;4311;35058;40125	TGCTGTGGTACCGAACCGTG;ACTTCT	2 1.7508236	1.9011043	0.3737935	0.9095068	0.9095068
IQCK	4 1201;4324;18480;48385	TTATATCTTCTGGAAGGG;GCGAGC	2 1.7483687	1.480566	0.3757021	0.9120491	0.9120491
PPP1R3D	4 2511;4348;16126;41785	ACAGGTCAAGGTGTTCAACG;CCAGG	2 1.7438574	1.3298761	0.3790274	0.9180114	0.9180114
ZNF616	4 631;4375;10803;69917	AAGAGATCAACATAGTCAA;GATCAA	2 1.7388138	1.6105119	0.3829848	0.9254736	0.9180443
PMPCA	4 2062;4376;42970;46380	TGAATCATCTCGGTGAGAAG;CTTACC	2 1.7386276	1.3660003	0.3831324	0.9237165	0.9180443
PGLYRP2	4 2890;4380;50036;66058	GGTATCTCCAGTCTCCCAAG;AATCCT	2 1.7378835	1.2997934	0.3836854	0.9229426	0.9180443
EEPD1	4 1040;4383;14405;29958	GGAGAAGGCCAACCAACCCG;GAGAI	2 1.7373258	1.5048737	0.384148	0.9219552	0.9180443
EEF1A2	4 3674;4385;9079;32332	GGTGGTCTCGAACTTCCAGA;TGTTCT	2 1.7369543	1.2543608	0.3844183	0.9205118	0.9180443
BHLHE23	4 933;4393;7802;11832	ACTAAGCCACGGCTACGCGG;GCCTGA	2 1.7354699	1.5265758	0.3855825	0.9212107	0.9180443
IGFLR1	4 2314;4396;21127;36714	GCAGTGCACCCCGGACCGG;TATGA	2 1.734914	1.3413705	0.3860014	0.9201298	0.9180443
RPS6KA6	4 610;4400;20195;35728	AAGCAAGGGCCACTTCTGCG;CCAGA	2 1.7341734	1.6153568	0.3865971	0.9194741	0.9180443
FAM46C	4 3565;4402;17028;34861	GGATAGGTACAACCTTCAGTG;CCTCTC	2 1.7338034	1.258326	0.3868653	0.9180443	0.9180443
CD40	4 3976;4431;13623;15965	AGGAATTCGCTTTCCACCGCA;GAAAC	2 1.7284585	1.2357356	0.3912447	0.9263551	0.9226051
MAN2A2	4 1281;4447;11702;52085	AGAAGGAGCCTCTGCCAG;CATCTC	2 1.7255255	1.4558509	0.3934807	0.929565	0.9226051
PMPEA1	4 2664;4464;16829;38530	CCTGACACTGTCTCTCCGA;TCTGAI	2 1.7224217	1.307697	0.3958798	0.9331453	0.9226051
UST	4 1430;4474;35653;36223	AAGAAGCGCCAGCATCCCGG;AAGCC	2 1.7206018	1.4308192	0.397543	0.9349787	0.9226051
DMRTC2	4 941;4489;33844;51770	GCCAGTGTCCAGGGACCCAA;CTTGT	2 1.7178801	1.5159976	0.3997665	0.9381188	0.9226051
CYBA	4 1364;4495;8665;49839	GGCCACTCGATCTGCCCA;ACAGA	2 1.7167942	1.4385896	0.4006387	0.9380808	0.9226051
REM1	4 1783;4497;19020;36901	GACCTCCATGAACAGCTGGG;GATCTI	2 1.7164326	1.3839736	0.4009328	0.9366927	0.9226051

OR51D1	4 2188;4499;44211;52292	CCAAAAGGAAGTATGCTGCG;GGCCA	2 1.7160711	1.3429739	0.4012187	0.9352913	0.9226051
C9orf142	4 2574;4505;12728;59340	CTTGGGTCTCACCTGAACCG;GCAGE	2 1.7149877	1.3106293	0.4020909	0.9352598	0.9226051
KIF3B	4 3863;4508;10539;37366	GGACAGAGTCAACAAGTGGT;TGTCTI	2 1.7144466	1.2339503	0.402543	0.9342537	0.9226051
USP51	4 906;4509;21935;55410	TCCACATGAGAGCAGCCTGT;GACGG	2 1.7142664	1.5221123	0.4026958	0.9325588	0.9226051
TCF3	4 3874;4517;17877;48015	TCACCATGCTGAAGTCCAGG;TGAACI	2 1.7128257	1.2326236	0.4038424	0.9331676	0.9226051
OSER1	4 3880;4521;13456;49514	GCATCTAAAGACAGATTGGCA;TCCTGC	2 1.7121064	1.2319831	0.4044183	0.9324579	0.9226051
WDR81	4 3137;4528;23171;25975	CTTCTGAGTCAGCGTCACCG;GATTG	2 1.7108492	1.2707129	0.4055649	0.9330643	0.9226051
DNAJC6	4 1584;4530;20642;37519	CTTTGCATATAGCAATCGAA;GTAGGTI	2 1.7104904	1.4049248	0.4058258	0.9316348	0.9226051
FGF9	4 2513;4533;14986;68310	TAGTTCCCACTTACCTAA;AGTCTT	2 1.7099525	1.3127689	0.4062852	0.9306664	0.9226051
TMEM40	4 749;4541;44497;48398	GGAGGATGCTGAAGTCTCCA;CACTC	2 1.70852	1.5591776	0.4074006	0.9312014	0.9226051
ANKRD16	4 3965;4554;27324;49163	TCCGCTCCACCTACCAGT;GCAGG	2 1.7061979	1.2251056	0.4092593	0.9334293	0.9226051
STARD9	4 3262;4558;13524;16593	CTACTGGTCACTCAACCCAG;GCAGC	2 1.7054849	1.2606851	0.409831	0.9327188	0.9226051
DUSP7	4 2288;4562;54463;59955	CGAGTCTCGCACATCGAGA;GCACA	2 1.7047725	1.3285194	0.4104006	0.9320066	0.9226051
ASXL1	4 3977;4581;14294;29775	GACTCCTCTGAAGGTAACG;TACCTC	2 1.7013978	1.2221599	0.4133788	0.9367554	0.9226051
ASB7	4 4306;4585;18456;35424	TGTGGCTGCCACTACGGCA;CCTCA	2 1.7006893	1.2075845	0.4139464	0.9360329	0.9226051
KIF1C	4 3106;4588;15359;47427	TGATGGGGCAGCAGGAGCCA;TGGAC	2 1.7001583	1.2672418	0.4144256	0.9351141	0.9226051
SRXN1	4 3702;4593;35364;72618	CAGCGGCACCTGTGTCACCG;TCACC	2 1.6992742	1.2341291	0.4151709	0.9347985	0.9226051
UTY	4 4361;4595;49385;72748	TGATGAGGCAAGAAATGG;GTATCT	2 1.6989209	1.2044536	0.4154859	0.9335172	0.9226051
GPC3	4 1876;4602;41094;52298	GGTCACGTCTTGTCTCTCGG;ACATT	2 1.6976854	1.3643908	0.4165534	0.9339287	0.9226051
PPA1	4 2686;4604;62408;73990	GTACTCCAGGGAGAGGGCG;GAGG;	2 1.6973328	1.2935656	0.4168331	0.9325757	0.9226051
POLR3H	4 2575;4609;39867;61562	GCTGCTGCAGTACTCTGGG;TGTGT	2 1.696452	1.3012861	0.4175909	0.9322959	0.9226051
GLP2R	4 2532;4619;15994;70373	ACTTTTCAGAGACTCAGGAA;TACTCT	2 1.6946934	1.3036753	0.4190742	0.9336338	0.9226051
PKF4	4 4344;4621;43942;74505	TTACTCTATATATGAGGGG;ACATCTC	2 1.6943422	1.2028549	0.4193383	0.9322552	0.9226051
SETD2	4 4377;4622;47862;52553	CGGAGCTGATACTTACTCAG;GTAGAT	2 1.6941667	1.2014295	0.419489	0.9306311	0.9226051
FAIM	4 4111;4632;31223;51466	AGGAAGAGATAAGAAAGAG;ATAAAT	2 1.6924134	1.2117075	0.4210763	0.9321941	0.9226051
KRTAP9-2	4 1489;4633;31976;66249	GCAGGTGGTCTGCAGCAGG;GCAGI	2 1.6922383	1.408383	0.421225	0.9305723	0.9226051
IRF2BP1	4 2662;4645;20678;45465	CATGGTGTGGGACTTCAGCG;CTTGA	2 1.6901403	1.2917013	0.4230119	0.932569	0.9226051
MPHOSPH	4 1176;4656;12460;61540	GAGCACATAGATGTTCCCAA;GTATCT	2 1.6882222	1.454839	0.424674	0.9342829	0.9226051
THAP3	4 3443;4659;55462;66007	GCTTGGGCTTGAAGTTGCC;TAGGT	2 1.6876999	1.2417191	0.425147	0.9333789	0.9226051
KRTAP21-1	4 597;4665;8269;59363	TGTGGCTATGGAAGTGGCTA;AACTCC	2 1.6866565	1.5961617	0.4260701	0.9334648	0.9226051
GNRH1	4 3265;4667;29113;63034	CTACTGACTTGGTGCCTGGA;CGGCA	2 1.686309	1.2509249	0.4263674	0.9321821	0.9226051
CCDC114	4 1689;4670;9388;21279	GGAGCTGCAGGAGCAGACCA;AGCGI	2 1.6857881	1.3795728	0.4268331	0.9312722	0.9226051
POLR2A	4 118;4673;28261;35661	GTACAATGCAGACTTTGACG;TTCGGI	2 1.6852675	1.9433153	0.4272884	0.9303434	0.9226051
KRTAP10-9	4 3932;4681;13302;58823	GCTGGAGCGGATGGACATGG;AGGAC	2 1.683881	1.2154581	0.4284932	0.9310469	0.9226051
SKOR1	4 3415;4684;12224;25086	GGTAGCCCGAGGAAAAAAGC;TGATG	2 1.6833617	1.2410671	0.4289724	0.9301742	0.9226051
SEPW1	4 4007;4688;49802;50824	CAAGACTCACGATGTCACAG;TTACC/	2 1.6826699	1.2114405	0.4297115	0.9298674	0.9226051
TMBIM4	4 3029;4691;35671;52645	GTACCCCTCGCTCTCCGCG;GAGCC	2 1.6821515	1.2629891	0.430173	0.9289626	0.9226051
TECPR2	4 2091;4704;42775;47710	GCAAGCGGAGAAGTGCACG;GCTAT	2 1.6799091	1.3338685	0.4321034	0.9312268	0.9226051
MYO1C	4 663;4712;47786;61705	GATGATCTCTGGGGAGAGCG;GACAC	2 1.6785324	1.5699107	0.4332988	0.9319013	0.9226051
LETM1	4 2241;4713;27543;46081	CCTCGGTACACCTGCCCGCG;TCAGC	2 1.6783605	1.3193978	0.4334578	0.9303485	0.9226051
MKMK2	4 2140;4723;25913;34459	GGCCAAAGTCAGAGTCTCCG;AGGGC	2 1.6766437	1.3276458	0.4349651	0.93169	0.9226051
GSGL	4 3517;4726;42607;55710	TGTGGGCGACCATTCCACAG;CTTGG	2 1.6761294	1.2319931	0.4353996	0.9307328	0.9226051
PAPL	4 3548;4728;30382;67952	GCAGCTTGGCAAGCGTGAAT;TATTCT	2 1.6757867	1.2301999	0.4357084	0.9295112	0.9226051
IKBKAP	4 165;4730;17745;45241	CCTGACAGAGAACATGACAG;AATGG	2 1.6754442	1.8660134	0.4360088	0.9282767	0.9226051
TAS2R30	4 1775;4733;24187;27290	TCTGGGTGTTACTACTACAT;TGAGCA/	2 1.6749307	1.3641277	0.4364516	0.9273499	0.9226051
OR2T11	4 101;4747;22068;39542	GACAGTGGTACAGATGAAAA;TCAGG;	2 1.6725391	1.9705829	0.4386855	0.9302246	0.9226051
MYH7B	4 1026;4748;10439;21069	CTCACAGCTGCAATATCCG;GACTCAC	2 1.6723686	1.4752142	0.4388601	0.92873	0.9226051
TIGIT	4 3487;4749;12556;57340	GCTGACCGTGAACGATACAG;GTTCA/	2 1.6721981	1.2316131	0.4390192	0.9272085	0.9226051
MAFB	4 1583;4756;18937;53957	GAGCTACACGGAGTCTGAG;AAGCT	2 1.6710056	1.3853107	0.4401096	0.9276562	0.9226051
SLC32A1	4 708;4777;23919;42976	GATGGACATCTGAAAGCCG;TCATG	2 1.6674397	1.5505006	0.4432988	0.932517	0.9226051
TRHDE	4 3110;4782;11813;63858	TTGCGGGTAGAGGAAAAAAGC;AGACT	2 1.6665932	1.2502162	0.44412	0.9323871	0.9226051
AMPH	4 816;4791;10210;53867	AAGCTCTGCAGAGCTCCAAG;AGACT	2 1.6650718	1.5194399	0.4456418	0.9337258	0.9226051
CREM	4 936;4794;37889;57441	GTAAGTTGGCATGTCCACAG;CCTACT	2 1.6645654	1.4904529	0.4461034	0.9328419	0.9226051
CNN3	4 3144;4803;21356;44993	GGGCTGTAACATCACTCGAG;GACTT	2 1.6630481	1.2463921	0.4474994	0.9339118	0.9226051
CAST	4 1576;4804;11257;19754	CGACTTCTTAATTGAGCGG;TGTCTT	2 1.6628797	1.3821477	0.4476574	0.9323989	0.9226051
TNMD	4 1600;4809;14161;44694	GGACAATTAGAGTTAGGGCG;GAGCA	2 1.6620383	1.378659	0.4483716	0.9320448	0.9226051
FHL2	4 4158;4814;31199;46530	GGAGGAGCCCTACTGCG;GAGG;	2 1.6611979	1.1940651	0.4491533	0.9318386	0.9226051
MICALL1	4 3713;4816;37116;63989	TCAGGGATCGACATACCCCT;GGTCG/	2 1.6608619	1.2143796	0.4494745	0.9306766	0.9226051
H3F3C	4 2141;4817;48582;67349	GCTTACCCTCCAGGTAGAG;CAGAC	2 1.660694	1.3195785	0.4496138	0.9291431	0.9226051
TRABD2A	4 4384;4818;24878;70973	AGCTGTCAAGTGTGCCACA;TGGAT/	2 1.6605262	1.1843271	0.4497645	0.9276393	0.9226051
ERGIC3	4 607;4826;11237;16773	GGTGCATCTGCAATCTCCG;GGTGA	2 1.6591846	1.5789065	0.4510254	0.9284266	0.9226051
F9	4 2468;4833;16268;51627	TTTCTAGTGCCATTCCATG;GTAACAT	2 1.6580127	1.2903166	0.4521502	0.9289311	0.9226051
PKIG	4 1163;4845;11284;31582	CCTGTGACCGGACAGGCGGT;GTGCA	2 1.6560079	1.4410304	0.4541491	0.9312262	0.9226051
PTEN	4 756;4856;7878;17738	GAGTAACTATCCAGACTCAG;AGAGCG	2 1.6541749	1.5300467	0.4558851	0.9329741	0.9226051
C14orf79	4 2696;4857;21901;53986	AAGTGTCTGTGTTCCCCA;GGAGA	2 1.6540085	1.271187	0.4560223	0.9314498	0.9226051
COLEC12	4 1405;4862;24418;61537	GCAGAACCTGAAGAACCTGC;TCTCA/	2 1.653177	1.4007144	0.4568092	0.9312558	0.9226051
G2E3	4 3837;4871;42754;60508	ATTCTCTGAAAGTCCACAT;GTAGTT	2 1.6516826	1.2037957	0.4582094	0.9323105	0.9226051
FAM127C	6 871;3139;9832;23867;261	GTTCTGCTCCACGAACATG;TGTCTC	2 1.6514062	1.4159772	0.458515	0.9311382	0.9226051
GALP	4 2052;4883;42789;63992	GGACGAGGAGGAGGACCAGG;GGCT	2 1.6496947	1.3224998	0.4601263	0.9326168	0.9226051
DDAH2	4 33;4886;48090;64200	GCAAGCCCTGCAAGACCTG;GCTCA	2 1.6491986	2.2012227	0.4605805	0.9317491	0.9226051
LRRC14	4 3104;4889;56657;67100	ATAAGTCCACTGCAGAG;GGTCC/	2 1.6487028	1.2416357	0.4610712	0.9309582	0.9226051
STIL	4 3223;4890;38989;39729	TTTCAGCGCTCAGTTCACAA;CAGGT/	2 1.6485376	1.2344677	0.4612396	0.929521	0.9226051
FAM160A2	4 747;4891;24914;29462	GGAACTCAATGAAGAGTGCA;GGATC;	2 1.6483724	1.5296668	0.4613841	0.9280411	0.9226051
CYSLTR2	4 2503;4892;32893;57496	GTATCAGAATGGAACCAA;GGATCC	2 1.6482073	1.2826718	0.4615483	0.9266065	0.9226051
CFAP46	4 3445;4913;36533;62851	ACTTTGCCAAAGGAGAACCG;GATGA	2 1.644748	1.2201353	0.4650244	0.9318136	0.9226051
SH2D7	4 4250;4914;14112;60913	GTAGGACAAGATGTAGCCAG;GCTTG	2 1.6445837	1.1818562	0.4651866	0.9303731	0.9226051

PVALB	4	1708;4925;32795;69442	GAGGACATCAAGAAGCGGT;CGGCC	2	1.6427785	1.3558085	0.4669568	0.9321482	0.9226051
MYO3B	4	2661;4926;30327;64403	TATTCCCCCTTCAACACCGG;GCCCC	2	1.6426146	1.268011	0.46712	0.9307146	0.9226051
LY6E	4	4019;4930;31316;47621	CACGCAGTAGTTGTCTGGT;ACCTCC	2	1.6419594	1.1905465	0.4677572	0.9302291	0.9226051
VCX2	5	1856;3865;32878;39735;4	GGCCTTGCCCGGAGTCCCG;GGGA	2	1.6414215	1.2954168	0.4684225	0.9298011	0.9226051
CDH20	4	2903;4941;38864;42611	GCATGTCCTTGTACTTCTGG;TTACCT	2	1.6401605	1.2500753	0.469515	0.9302212	0.9226051
UXT	4	3700;4945;7671;56113	GCTCATATACCTTGTCTCGA;TGCGGA	2	1.6395074	1.2043447	0.4701585	0.9297516	0.9226051
KDM3A	4	3274;4958;14157;33269	GATACTGCTTGGCTGTAAGCA;AGAACA	2	1.6373889	1.2259492	0.4723997	0.9324375	0.9226051
MRC1	4	1293;4964;14896;62605	AGATGAGAAAAAATCCAGA;TTAATG	2	1.6364131	1.4093765	0.4733789	0.932627	0.9226051
CHRNA4	4	1016;4965;9330;21573	GGGCAGGTAGAAGACCAGCA;AGAACA	2	1.6362506	1.4591936	0.473539	0.9312051	0.9226051
KLK9	4	3668;4967;26988;43801	GGGCAGCTGTGAGCAGCCAG;GCTC	2	1.6359257	1.2041464	0.4738664	0.9301169	0.9226051
IL5RA	4	4742;4970;13715;35158	GTATCTCAGTGGCCCCAAA;TTAATG	2	1.6354387	1.1580636	0.4743695	0.929377	0.9226051
CNTD1	4	1926;4975;23823;28955	GAGAGAGTCTCAGAATTGGA;GCTGA	2	1.6346276	1.3275977	0.4751793	0.9292395	0.9226051
FAM122C	4	4801;4977;42581;65375	ACTGATCAAGAAACACAGCT;GATCAC	2	1.6343034	1.1553606	0.4755088	0.9281651	0.9226051
PSIP1	4	580;4983;13011;13194	TGAGTTCCAAAAAGAAAAT;TGAAGA	2	1.6333316	1.575623	0.4764662	0.9283179	0.9226051
PHYHIP1	4	4824;4987;22277;52150	GGGAACAATCACAAGACAG;CCACG	2	1.6326845	1.1537278	0.4771159	0.9278718	0.9226051
PTGER1	4	3869;4988;9548;14530	CATGGAGAAGATGGGCAGCG;GCTGC	2	1.6325228	1.1927066	0.4772812	0.926487	0.9226051
SSH3	4	1129;4992;19096;56144	GCTCTCTCCGAGGACCAGG;ACACT	2	1.6318764	1.4351064	0.477934	0.9260519	0.9226051
LRRC37A	5	404;3918;8117;39859;724	AGGAGCTGTAGTCTTCTCCA;GGCATT	2	1.630567	1.6039415	0.479355	0.9271041	0.9226051
PXDNL	8	2169;2383;11443;22974;5	GCATGGCCAGAAATCCGCT;TGTCAT	2	1.6295801	1.176535	0.4803519	0.9273337	0.9226051
CHD1L	4	4132;5007;33548;47069	ATAAACTGCTGGCCTCTGAG;ATACTG	2	1.6294573	1.1793169	0.480514	0.925954	0.9226051
MYSM1	4	3649;5016;36366;42239	AATGGTAGAGAAAGCCATG;AAAAAC	2	1.6280097	1.2011418	0.4819246	0.9269807	0.9226051
SOD1	4	147;5017;44323;66660	AAGGCCGTGTGCGTGTGAA;AATCC	2	1.627849	1.8671418	0.4820805	0.9255946	0.9226051
SLC13A3	4	3506;5021;13003;13691	TAAAGCAAGACCAACCCTG;GATGCT	2	1.6272066	1.2081113	0.4827541	0.9252058	0.9226051
SGK2	4	3652;5029;14524;52499	GTGTGCTTCTGAAGAACGTG;CCGTC	2	1.6259235	1.1999478	0.4840774	0.9260612	0.9226051
GRM2	4	734;5031;20927;21878	CATCGCGTCACAGAGCCGGG;CCACA	2	1.6256031	1.5219799	0.4844132	0.9250277	0.9226051
GPRC5A	4	4085;5033;67155;72256	AGAAACGGTGGCCACAGCCG;GCCTI	2	1.6252828	1.1792799	0.4847334	0.9239683	0.9226051
RCS1	4	505;5034;14918;67294	CAGCCAGTAAACCAACCCTG;TGTGC	2	1.6251227	1.6009279	0.4849069	0.9262338	0.9226051
HMG1	4	640;5039;64328;72915	AGCCAAAGAGGAGATCGCG;TTTCT	2	1.6243228	1.5502702	0.4857656	0.9226051	0.9226051
PIK3R5	4	2471;5050;23739;44700	GAGCCTCACCTAACACCCCA;GATCC	2	1.6225659	1.2723655	0.4875733	0.9243759	0.922712
PPP2R3A	4	737;5058;33910;37449	CTGTCTCGATACAATGACCA;ACATAC	2	1.6212908	1.5189644	0.4890067	0.9254321	0.922712
PCSK9	4	3421;5060;13262;40510	GATGCTCTGGGCAAAGACAG;TCTTT	2	1.6209724	1.2095461	0.4893394	0.924405	0.922712
PLEKHA3	4	2434;5063;33100;72367	TCATTCATCTCCAGTGCAG;GCATT	2	1.620495	1.2742634	0.4898435	0.923705	0.922712
TSGA10	4	4454;5065;30411;67859	TGAGCTGGCCAGATCGCCA;CTAAG	2	1.6201769	1.1613616	0.4901907	0.922712	0.922712
OR4P4	4	1641;5084;18631;61339	TAGAGATCTTCATTCTCACA;GCACCT	2	1.6171618	1.351092	0.4928212	0.9268771	0.9244853
ERMN	4	4254;5086;16806;64211	TCCTGGTTACTGCCACTCAG;TGTTCC	2	1.6168451	1.1678196	0.4936149	0.9258566	0.9244853
KIFC3	4	4285;5087;11610;69004	AGGTGCAGCAGCAAGACCAG;GCAGT	2	1.6166869	1.7190041	0.4937781	0.9245206	0.9244853
MYL9	4	1574;5095;8570;33846	AAGCCAAAGACCAAGAAG;GTCAA	2	1.6154218	1.3586767	0.4951336	0.9254178	0.9244853
C12orf60	4	4768;5102;12242;13292	AAAGGAGTCTTTATGTTCCA;GGATTT	2	1.6143166	1.1465574	0.4962334	0.9258347	0.9244853
ZNF562	4	3794;5107;13864;26184	ACTCTGTGAGAAATGTGGAG;TCAGC	2	1.6135282	1.1867705	0.4972282	0.9260546	0.9244853
SLP1	4	3878;5108;10688;52434	AGAGTGACTGGCAGTGTCCA;GCCTT	2	1.6133707	1.1827088	0.4973976	0.9247392	0.9244853
SIMC1	4	2023;5117;46038;68812	ATCGTGATCTCGGACGACAG;GATCAC	2	1.611954	1.3064601	0.4988508	0.925811	0.9244853
EFNA2	4	1361;5118;22911;49402	GGTCCAGTAGACGGCGTAG;GCTGT	2	1.6117967	1.3865423	0.499012	0.9244853	0.9244853
ATP5J2	4	96;5127;14478;38870	AGAAGTTTCTTGCTTCCAC;ACTTCT	2	1.610383	1.9504863	0.5005234	0.9256615	0.9256615
MS4A12	4	2857;5135;46190;60363	GGAGCCATAAAGCTGTGTC;TCTAAC	2	1.6091287	1.2376104	0.5018373	0.9264689	0.9264689
BARHL2	4	1939;5141;54480;56936	AGAAGACGTGGAAGTCCTGG;GGCCT	2	1.6081893	1.3130342	0.5028467	0.9267122	0.9267122
SDK2	4	2462;5150;63055;63661	CCATGATCTGAAGCACCAGG;ACAGC	2	1.6067825	1.2651759	0.5043519	0.9278669	0.9268927
RNF128	4	1526;5163;26478;43129	CTTTCTATCGAAGCAATCCA;TTGAAT	2	1.6047551	1.3596408	0.5066637	0.930499	0.9268927
ZNF783	4	1786;5167;19155;39299	GAACCTGACCTCTACTCCA;CTCCAC	2	1.6041324	1.3274853	0.5072916	0.9300346	0.9268927
HS3ST2	4	5049;5170;40174;62205	CTATAGGGTCTGGCCCGCG;CACCC	2	1.6036657	1.1314208	0.5077781	0.9293131	0.9268927
ZNF491	4	3936;5181;64656;73917	GTGTGGGAAACTTTTACC;ACTGC	2	1.601957	1.1743121	0.5096305	0.9310896	0.9268927
IGFBP7	4	995;5182;19514;60017	GAGCGGAAAGGTTAAAGCC;GCTGI	2	1.6018019	1.4463189	0.5097937	0.9297791	0.9268927
C15orf62	4	2865;5183;29409;44564	GCTCAGCTGCTTGAAGAAGG;GCTTG	2	1.6016468	1.2333349	0.5099506	0.9284618	0.9268927
MAP3K12	4	449;5194;47954;49604	CCTGCACAAGATTATCCACA;TCACCA	2	1.5999428	1.6133689	0.5118113	0.9302457	0.9268927
RASGEF1C	4	1665;5208;19248;57749	GCCGCTTACCAGTGTCCACG;CACAG	2	1.5977797	1.3384622	0.5142178	0.9330137	0.9268927
EFNA3	4	633;5214;42160;66162	CCCGACTACAACAGCTCGG;GTCGT	2	1.5968547	1.5388627	0.5153831	0.9335241	0.9268927
DDX27	4	909;5215;15425;32719	ATACACTAAAGTAAAGGAT;TGATGAC	2	1.5967006	1.4626381	0.5155494	0.9322263	0.9268927
DOK5	4	4391;5216;21505;26502	TTAATGACATAGTGAAGCAA;GAGGAT	2	1.5965465	1.1520557	0.5157095	0.9309217	0.9268927
CEBPB	4	582;5221;14719;34010	ATGGATTAAAGGCGAGCGG;CCTCT	2	1.5957768	1.5561157	0.5165307	0.930813	0.9268927
LYPD5	4	172;5230;18067;25855	CGCACCAACCGAGTAGTCTGG;GCTGC	2	1.5943934	1.8165269	0.5180369	0.9319369	0.9268927
PPM1B	4	61;5232;22073;22754	ACTTCTCTGCTTCATCGG;CCAGCA	2	1.5940863	2.040503	0.5183602	0.9309326	0.9268927
PRDM1	4	596;5241;36877;43084	GGATGGGGTAAACGACCCGA;CTTGA	2	1.592706	1.5495417	0.5199402	0.9321849	0.9268927
RBFOX3	4	3505;5243;39172;71065	GGACTACTCGGCCAGACCC;GCAGC	2	1.5923996	1.1907606	0.5202822	0.931217	0.9268927
SERPINE1	4	3523;5254;13248;47152	CTCCTGTACAGATGCCGGA;GGACC	2	1.5907168	1.1889716	0.5221398	0.9329605	0.9268927
TAS2R38	4	1168;5259;34028;74250	GCTTGCCAAAGCAGATCAGGA;AGGAG	2	1.5899532	1.4071158	0.5230307	0.9329737	0.9268927
CST9L	4	5140;5270;16348;62828	GTGGACAGCAAACCTCCACTG;ACTAC	2	1.5882759	1.1206988	0.5250078	0.9349212	0.9268927
TAC3	4	2375;5278;43115;54877	AGCTAGCTGAAGGCCAGA;GTAGA	2	1.5870585	1.2623419	0.5263529	0.9357386	0.9268927
RSPH6A	4	942;5285;39108;55640	GAGACTCCAGGACAGCAAG;GGACT	2	1.5859949	1.4498331	0.5275213	0.9362396	0.9268927
ZNF253	4	4869;5288;35368;70993	TTTACTCGTACCTACCTGG;TGCACA	2	1.5855395	1.1285588	0.5280297	0.9355693	0.9268927
KAT2A	4	3503;5289;32198;41157	GCCTGCTGCTGCTTACCCTA;GCTGC	2	1.5853878	1.1873603	0.5281929	0.9342909	0.9268927
FBXO28	4	691;5299;12629;50591	ATGTTCTCGATGGTACAGAT;CGAAAT	2	1.5838722	1.5138448	0.5298769	0.9357023	0.9268927
KIR2DL3	4	1977;5302;46782;54348	TGCTCTCTGATTTCCACA;ACTTCC	2	1.5834182	1.2967746	0.5303581	0.9349886	0.9268927
PITX3	4	4672;5306;10967;13914	GTTCCGCTGAAAAAGAAGCAG;AGTTG	2	1.5828132	1.1343286	0.5310494	0.934647	0.9268927
MZT2A	4	2519;5310;16241;71878	GGACCTGCTGAAGCTGAAGC;GCTGT	2	1.5822087	1.2484333	0.5317085	0.9342498	0.9268927
KIAA0408	4	4455;5318;63546;68146	GTTGTCTCAAGGGAAGTGA;CTATGT	2	1.5810013	1.1417343	0.5332282	0.9353638	0.9268927
TP53TG5	4	3927;5325;15926;44784	GAAGAGGCCAAGAACAGCA;TATGC	2	1.5799464	1.163721	0.5343987	0.9358624	0.9268927
RGL2	4	2822;5326;16690;23068	TCTCTCACCTCTGCCACG;CCTCAC	2	1.5797958	1.2253033	0.5345785	0.9346273	0.9268927

TRIM49D1	4 672;5328;32020;46785	AAATCAGAGAAACCTGAACG;GCTCC;	2 1.5794947	1.5175431	0.5349538	0.9337375	0.9268927
GIP	4 1509;5329;33163;62920	GGACTAGGAGAGAGAAAGA;ACCTT;	2 1.5793442	1.3492167	0.5351139	0.9324756	0.9268927
ZNF354A	4 2258;5334;21868;40007	GAGAAAAAGCAGGATAAAAA;TGCTG1	2 1.5785923	1.2680255	0.5360047	0.9324893	0.9268927
RPS23	4 2095;5335;25764;57787	GACCCTTACACACTTCTCTAA;TCTGGT	2 1.578442	1.2827559	0.5361773	0.9312553	0.9268927
PNMA6A	5 2873;4184;22361;28843;7	GCTAGGCAAAGTGTTCGAG;AGGCA	2 1.5784189	1.181251	0.5361773	0.9297261	0.9268927
NPY1R	4 4880;5338;16501;30306	AGATGATTATGATCAAGGCC;ATGTGT;	2 1.5779913	1.1243973	0.5366721	0.9290585	0.9268927
MDN1	4 5125;5339;30055;30794	AGAACCTGCCCAACTCACTG;TATTCC	2 1.5778411	1.1159756	0.5368529	0.9278506	0.9268927
FOXF2	4 1208;5348;30795;45722	TCCAGCCCTGGTAGGCGCCG;GGAC	2 1.5764909	1.3934271	0.5384299	0.9290555	0.9268927
ZNF772	4 1781;5349;28841;29899	GCACAGTTGTTCCAGAAGAAA;CTGCT	2 1.576341	1.3141537	0.5385983	0.92783	0.9268927
SDC4	4 4591;5351;10736;27141	TCAGGGATATGGTTATCTAG;GTAGGG	2 1.5760413	1.1339872	0.538932	0.9268927	0.9268927
FBX024	4 1243;5367;9076;30473	TCTTGCTGAGACATCGGCGG;GTAGT	2 1.5736485	1.3861142	0.5417615	0.9302441	0.9302441
DAB2	4 4097;5393;19568;22507	GTATCTGAAAGAGAACAGAA;GCTGT	2 1.5697767	1.1510006	0.5463665	0.9366282	0.93057
SSMEM1	4 537;5400;33633;36787	GCAAAGAGACTTCTGTAAAG;CCAAAC	2 1.5687378	1.559675	0.5476139	0.9372451	0.93057
TMEM31	4 3832;5407;20208;31726	ACCTTCTTGAAGTCTTCCG;AGGTTA	2 1.5677003	1.1620417	0.5488478	0.937837	0.93057
TMEM37	4 2079;5409;40763;59664	GCAGATCGTCTGGTGGTGG;GATTC,	2 1.5674042	1.2787582	0.5491939	0.9369124	0.93057
ANGPTL1	4 5273;5410;23638;51666	GATGGACCTTGAACACTGA;GGAG	2 1.5672561	1.1058886	0.5493686	0.9356987	0.93057
SCGB2A2	4 4295;5411;33300;66853	AAATCACATTTCCAATAAG;CCTCAC	2 1.5671081	1.1412476	0.5495546	0.9345083	0.93057
IL20	4 2089;5413;12726;37295	TTGACATCAGAATCTTAAGG;GATAAA	2 1.5668122	1.2775099	0.5499465	0.9336713	0.93057
ARPC1B	4 1425;5419;13092;23950	CTCCTGCTCGAAATAACAGA;CATCTG	2 1.5659252	1.3541971	0.5509725	0.9339117	0.93057
AKAP17A	4 1840;5438;52739;60637	GCTCTTGGAAAATACGCAGCC;GCTGA	2 1.5631234	1.3009953	0.5544122	0.9382361	0.93057
ZCCHC18	4 3704;5439;15294;42443	GCAAAGAAATCTGCTACACTT;TTAACAC	2 1.5629762	1.1658811	0.5545817	0.9370212	0.93057
DUS4L	4 249;5449;12297;17078	AATGGAATAGACATTAAGT;AATGAA	2 1.5615062	1.7204214	0.5563187	0.9384545	0.93057
MAP4K	4 491;5453;14910;55024	GGAGAAACAAGGAACCTTCCG;GACCT	2 1.560919	1.574808	0.5570318	0.9381588	0.93057
CD1A	4 4296;5462;40944;41419	TTTGAGATACAGGTGACAGG;CCTGG	2 1.5595995	1.1374519	0.5585869	0.9392798	0.93057
GATSL1	6 986;3528;52869;54871;56	ATACCTGGACAGCATGAACA;AGTATA	2 1.5594023	1.3447387	0.5589361	0.9383729	0.93057
ZNF286A	4 3179;5466;44990;51157	AATTGGTTAGAGAACTCAGCA;GCTCAT	2 1.5590138	1.1922897	0.5593156	0.9375194	0.93057
FUT10	4 375;5475;13711;44404	CGACATGATGACTTACATG;TCTGAC	2 1.5576978	1.6307049	0.561063	0.938958	0.93057
PTPN12	4 3871;5477;8376;61232	TTTGTGCCATAGATTATACG;GTTAAATC	2 1.5574056	1.1550542	0.5614216	0.9380715	0.93057
CASP5	4 4476;5484;10639;73208	GGCATCCTAGAGGGAATCTG;CATGT	2 1.5563841	1.1285993	0.5627095	0.9387382	0.93057
BTBD9	4 2038;5485;42310;67700	TTAAAGTGCATCTGAGAGC;GCTGAI	2 1.5562383	1.2771326	0.5628779	0.937538	0.93057
CPNE1	4 5321;5491;7473;17966	TTTCTGGAGTTCTTCCGCCA;GGAAT	2 1.5553639	1.0984254	0.5639632	0.9378663	0.93057
GDAP1L1	4 1649;5492;16970;29505	AGGTTGAGCCGATGAACCA;GGCCC	2 1.5552183	1.3191356	0.5641357	0.9366782	0.93057
CYP26B1	4 158;5505;26312;63664	TTACCTGCCAAGATCCAGC;ACTGC1	2 1.5533279	1.8143075	0.5664694	0.9390764	0.93057
ARIH2	4 3323;5513;23911;44129	GGACATAGAGGACTATTACG;ATATCT	2 1.552167	1.1805596	0.5679029	0.9399772	0.93057
CCL19	4 1470;5518;9625;51850	AGTTCCTCACGATGTACCCA;CATCCT	2 1.5514424	1.3406047	0.5687958	0.9399818	0.93057
RBMLX1	4 5271;5526;39698;60431	AGAAGTAGAGGTCCTCCAG;GGAGC	2 1.5502845	1.0974664	0.5702854	0.9409709	0.93057
ACRV1	4 5414;5530;7490;45829	CCTGAAGGCTGTTCTCTGA;CCTTC	2 1.5497063	1.092708	0.5711648	0.9409517	0.93057
CBLN3	4 719;5533;15701;26835	GCAAATGCCACTCGCCAGG;GCCAC	2 1.5492729	1.4881662	0.5717179	0.9403957	0.93057
EID2	4 2327;5534;23651;36782	GGCCTCCTCAGGCTGTGCCG;GGCAC	2 1.5491284	1.2473782	0.5718831	0.9392046	0.93057
SMIM2	4 1667;5536;29804;33923	GATCCAAAGCAGGACTATGT;CGTGT	2 1.5488397	1.3137494	0.5722324	0.938319	0.93057
EVI2B	4 1642;5547;49301;53831	CTAATTCTCAAACACAACA;TGTTTG	2 1.5472537	1.3160146	0.5742231	0.9401233	0.93057
CARM1	4 1672;5553;63707;68749	GGTGAAGAGTAACAACCTGA;ACCCA	2 1.5463901	1.3119188	0.5752677	0.9403758	0.93057
BTNL9	4 2400;5561;12138;52653	AGCATATCCCTCTGACAA;GCTCA	2 1.5452402	1.2393842	0.5767085	0.9412738	0.93057
UGN1A10	4 1106;5562;12434;45843	CTATTAATGAGTTTACATG;TTTCTC	2 1.5450966	1.3959822	0.5768603	0.9400686	0.93057
DUS2	4 5014;5564;27150;71823	AATGTCCGCTCCATAATCCA;CCATCT	2 1.5448094	1.1031758	0.5772054	0.9391816	0.93057
ITGA8	4 1635;5568;66773;71577	AGCGGCGCTGGCTTCCCCG;GTTAA	2 1.5442355	1.3153707	0.5778727	0.9388209	0.93057
LOC391003	4 1212;5569;33074;35276	CATGATGAGCAGACAGACAG;GTTCC	2 1.544092	1.3765454	0.5780453	0.9376587	0.93057
RIPK3	4 1617;5571;41446;43263	GTTCTCGATGGACACCAAG;GCAGC	2 1.5438053	1.317399	0.578407	0.9368065	0.93057
PHC3	4 5161;5574;31964;68970	GGAGAGCTGATGACACAAGA;AGACC	2 1.5433754	1.0975599	0.578958	0.9362628	0.93057
PABPC1	4 880;5582;23239;30942	TGGTCGAGCTCAGAAAAGG;CATAC	2 1.5422302	1.4421875	0.5805962	0.9374765	0.93057
ZNF559-ZN	4 1340;5590;43916;63756	CAGGAGGAAGAAATGGCTGCA;TTTCT	2 1.5410868	1.3543775	0.5820152	0.9383328	0.93057
MORC1	4 2840;5594;16986;56229	GTATTGTTTCCAGAGATGCA;GCTGGC	2 1.5405158	1.2044458	0.5827449	0.9380771	0.93057
SOWAHC	4 2435;5595;48300;55766	GCCGCTGCTCTCTCTCCG;CCAGC	2 1.5403731	1.2341223	0.5829434	0.9369684	0.93057
TRAP1	4 4155;5604;38586;52439	CCTCATCCACAGCAAGGCCA;CTACAC	2 1.5390902	1.1331403	0.5845484	0.9381203	0.93057
PPARA	4 1286;5605;14332;28760	CATCGAATGTAGAATCTGCG;TCTGGC	2 1.5389478	1.3617605	0.5847168	0.9369666	0.93057
RCAN2	4 4448;5609;25762;73506	CGAGGCTTTTACCAATCAGG;GTTTAC	2 1.5383784	1.1206994	0.5854746	0.9367594	0.93057
RNF114	4 5152;5614;11696;27271	AAGCCGGTACAGGTGCCCTG;ATTGT	2 1.5376674	1.0950006	0.5863998	0.9368202	0.93057
GF11	4 4179;5617;19913;32524	GTAATCATGGAGCGGCTCG;GCGCC	2 1.5372411	1.1311868	0.5869445	0.936274	0.93057
ZNF181	4 4825;5618;10382;12587	GCTTATCAGATGTCGTGTA;GAGAA	2 1.537099	1.1058994	0.5871222	0.9351449	0.93057
SHISA2	4 45;5620;21637;52177	GCGGACAAAGACGGCCCCGA;GCCAC	2 1.536815	2.0777864	0.5874913	0.9343234	0.93057
ABCD3	4 5104;5621;22395;45542	TGCTCTGCTGCTCCACAAG;GGCCT	2 1.536673	1.0960865	0.58767	0.9332024	0.93057
ITCH	4 2299;5622;17425;22608	GAGCCTCCAGATATAGTAAG;ATTTCA	2 1.5365311	1.2434562	0.5878405	0.9320715	0.93057
SNRNP25	4 373;5623;42558;57097	CATTGCTGGCCGCTATTCTA;GTCCGA	2 1.5363892	1.6211943	0.5880339	0.9309802	0.93057
MKS1	4 1651;5629;9496;56212	CCTCTTCGTTCTCTCTGGG;CTGAA	2 1.5355383	1.3090502	0.5891409	0.9313366	0.93057
EPHX3	4 3609;5632;13956;73730	CATCCCGAGGTGCATCCGAG;GCAAG	2 1.5351133	1.1567204	0.5898707	0.9310963	0.93057
PIWIL2	4 3475;5635;13077;32813	GCATCCGAAGGACAGATGGA;AAGCA	2 1.5346884	1.1634971	0.5904185	0.93057	0.93057
GCDH	4 3050;5647;33497;48720	CCTATGGCAGCGGAGGAACG;GCTGC	2 1.5329917	1.1870999	0.5925495	0.9325369	0.9314612
TJP1	4 1047;5648;7735;42902	GCTAATGCCTTGAGAGAGA;ACTGAI	2 1.5328504	1.4012412	0.592748	0.9314612	0.9314612
CLEC12B	4 3632;5662;53356;68539	GATAACTTATCCAGCAACT;ATAACCT	2 1.5308762	1.1534333	0.5954133	0.9342592	0.9336828
GNAI2	4 2899;5674;24025;35929	GGCTATCAGGATCATCCAGC;GGACC	2 1.5291883	1.1948523	0.5976565	0.9363877	0.9336828
HPS6	4 1806;5676;16253;59619	GTAGGAGACCAAGCCGTG;GTGAC	2 1.5289074	1.2876334	0.5980173	0.9355648	0.9336828
SMARCC1	4 2390;5679;60370;72410	CACCAATCCAGAAAACCA;TATTCT	2 1.5284862	1.2318238	0.5985713	0.9350463	0.9336828
TTPA	4 1362;5680;28656;63862	CCATGGAGTCTGAGATCCA;ATAAGA	2 1.5283458	1.3446663	0.5987761	0.9339846	0.9336828
SIAE	4 1459;5685;24869;62097	TTTCAGCTCACTCTGATACG;GCTGGA	2 1.5276445	1.3302389	0.5998281	0.9342455	0.9336828
MOGS	4 1697;5688;33635;49530	TTTGCCACCAACCAGTCCAG;TCAGG	2 1.527224	1.2993361	0.6003509	0.9336828	0.9336828
SCAMP4	4 5032;5694;14527;24737	GGCTTACAGGATGAACCT;CGGCA	2 1.5263838	1.0933532	0.6014414	0.9340031	0.9340031

C21orf91	4 4694;5699;14714;26175	GCTTAGATCGAGGACAAACC;GTGTG	2 1.5256844	1.1049488	0.6023593	0.9340549	0.9340549
GIPC1	4 2373;5707;37749;44246	GCTCACCATCACGGACAACCG;CTGCT	2 1.5245667	1.2312609	0.6037688	0.9348678	0.9348678
TNP02	4 138;5719;23046;26533	CTGCAGTCCCAAGATCCGGT;GCACA	2 1.5228934	1.8283044	0.6060599	0.9370413	0.9368663
MRAS	4 3243;5724;16176;44949	GGAGCAATACATGCGCACGG;GCGCA	2 1.5221973	1.1701366	0.6069591	0.9370596	0.9368663
UPF3B	4 2059;5730;14573;21264	AAGAAAAGAGAGAAAGAAAGG;CATCA	2 1.5213628	1.2576572	0.6079954	0.9372893	0.9368663
PQLC2	4 3584;5736;39472;43552	GGCCAGCAGCATCAGCAG;GCATC	2 1.5205294	1.1507088	0.6091378	0.9376816	0.9368663
CRYBB2	4 5136;5737;44815;54607	GTTTCCTTCAGGTTGGGGCA;GCCAC	2 1.5203906	1.0868877	0.6094954	0.9368663	0.9368663
BEND2	4 5027;5748;45358;73560	CATTGCTTACAGTAGCCCA;GATATG	2 1.5188653	1.0897631	0.6114913	0.938568	0.9378001
GPRASP2	4 3091;5750;11476;11815	GGAGGCTCAAGGAATCACAG;GCAAT	2 1.5185884	1.1773716	0.611879	0.9378001	0.9378001
TMEM178B	4 3585;5769;56213;57953	TATTGTTGTAATGAAGCCG;GGAGGA	2 1.5159624	1.1483739	0.615325	0.9417147	0.9417147
ALDOB	4 1402;5789;41303;43428	GATGCTGGCGTAGCGAGCCA;GGATT	2 1.5132085	1.3311676	0.6189954	0.9459612	0.9430439
DRD2	4 1135;5792;45470;68042	TTCCCGTCTGACCCGTTGAA;CCTGA	2 1.5127963	1.3744685	0.619747	0.9457411	0.9430439
CYP4F12	4 3870;5794;62699;73457	CTGTGAAGTCATGCACCAGG;GAAGG	2 1.5125216	1.1326591	0.6201025	0.9449181	0.9430439
NPFFR1	4 5013;5796;33684;50615	ACACATGATGAGCAGCGCCA;GAGCA	2 1.5122471	1.0869286	0.6204819	0.9441339	0.9430439
HADHA	4 1822;5797;11726;31109	GGATCCTGAAGGCAGAAAAG;TATTAA	2 1.5121098	1.2774623	0.6206586	0.9430439	0.9430439
CNIH3	4 2709;5815;18535;34316	ACATAATGCAGAAGAGGCTA;AATGCA	2 1.509644	1.1980779	0.6239799	0.9467281	0.945647
HAGHL	4 63;5816;16892;35069	GCGGGTACCCGAGAACCAGG;CTAC	2 1.5095072	1.9912256	0.6241628	0.945647	0.945647
TSYND1	4 362;5822;19694;70239	GCAAGTGGCCCAACCGGCCG;GGGC	2 1.5086873	1.613747	0.6253385	0.9460708	0.9459756
TMEM91	4 311;5827;47759;55306	GCGCTCACGGGAGGAAGAGG;CATTC	2 1.5080047	1.645933	0.6262626	0.9461135	0.9459756
TMEM189-L	5 423;4578;9324;15148;333	CCAACACCGAGTATGACGAG;ACCAA	2 1.5075522	1.5326768	0.6270672	0.9459756	0.9459756
SPATA25	4 5658;5841;28876;37055	CTGGCTCTACAGGACTACAG;GGACT	2 1.506097	1.0636297	0.6289695	0.9474918	0.9474918
NDUF5	4 4435;5850;11976;15997	TGCACACAGCCATCCACA;ACAA	2 1.5048732	1.1044618	0.6308104	0.9489114	0.9487344
ZNF17	4 885;5866;33403;62413	TCACCAGAAGTGAAGGG;GGCCA	2 1.5027027	1.4212376	0.6339497	0.9522773	0.9487344
GNA14	4 5173;5868;34655;63503	GGAGTGTACGACAGGAGGA;TCTGA	2 1.5024319	1.0766963	0.634325	0.9514875	0.9487344
TIAF1	4 5511;5873;48263;73684	CATTCTTAAGAACTGGACC;GGTCC	2 1.5017552	1.0657893	0.6352813	0.9515703	0.9487344
FAM25A	4 1061;5875;14092;19167	GGAGAAGTGGTGAAGGAGG;GGAG	2 1.5014847	1.3827979	0.6356649	0.9507962	0.9487344
NDUFB11	4 3310;5876;68787;72057	CCCCAGAACCAGCACACC;GCAAC	2 1.5013495	1.1558834	0.6358562	0.9497371	0.9487344
TUT1	4 4630;5886;18248;51458	GTTTGTCAAGTGGCTTCCCA;TTTGG	2 1.4999988	1.0944916	0.6377304	0.9511911	0.9487344
CNTN2	4 4240;5890;14286;18898	ACTGGAATCCTATCTGTGCG;GTTCC	2 1.4994592	1.109713	0.6385433	0.9510602	0.9487344
TMEM171	4 5832;5893;21581;27858	GACTCCACACACAACAAGA;GCATG	2 1.4990548	1.0551755	0.6390859	0.9505278	0.9487344
LGR5	4 2420;5894;10872;28056	CTTACATTGTAATAAGAGAA;GCCAG	2 1.49892	1.2146023	0.6392782	0.9494765	0.9487344
ZC3H6	4 5725;5897;35741;60240	TCTTGCAAGTATAAACA;TGACAG	2 1.4985159	1.0579155	0.6400734	0.9493224	0.9487344
UBAC2	4 5455;5908;13359;28858	TGAGAGTCTTTCAAGTGA;CTTGG	2 1.4970361	1.0651204	0.642141	0.9510532	0.9487344
PPP1R42	4 2850;5916;7786;10445	CCAGTTTTCTTAATGACCTG;TTTTCT	2 1.4959618	1.1814962	0.6435745	0.9518412	0.9487344
APOA5	4 1906;5917;61003;72260	CTACTTCAGCCAGACCAGCG;GGCCG	2 1.4958276	1.2602854	0.6437533	0.9507741	0.9487344
RAB8B	4 2152;5920;25830;46657	CCTCTGAGAAGCGGAACAGG;CCTCC	2 1.4954252	1.2359301	0.6442938	0.9502434	0.9487344
PPP2R3C	4 1894;5935;62125;71484	CTTACCCTATAATAAACAG;AATTCT	2 1.4934167	1.260344	0.6427356	0.9532508	0.9487344
TGFBR3	4 4208;5940;24990;46528	AGGAGAGTCTGGAATGAAGA;ATGAC	2 1.4927484	1.1077068	0.648193	0.9533312	0.9487344
ZNF429	4 2341;5941;43488;71028	TCTGGGTAAGTGTCAAAACAT;TCATGT	2 1.4926148	1.217945	0.6483666	0.9522602	0.9487344
NRA41	4 1947;5943;21318;52257	CATGGACCTGGCCAGCCCG;TAGTG	2 1.4923478	1.254291	0.6487699	0.9515292	0.9487344
GHRH	4 5229;5945;11558;28747	CTTACCACACAGCTACCGGA;CCATC	2 1.4920808	1.0697077	0.6491171	0.950718	0.9487344
PAK4	4 2955;5947;22747;36776	GCGCAGGTCCATCTTCTGA;AGCAC	2 1.4918139	1.1725188	0.6495152	0.9499835	0.9487344
DSG4	4 791;5948;31792;68240	TGGTTGTGAGAGGCTCAGAT;AGTACC	2 1.4916805	1.4392806	0.6498863	0.9492116	0.9487344
TNS4	4 3068;5951;30162;31482	CCACTGCGAAGGACCGCGAA;GGAG	2 1.4912804	1.1651302	0.6504581	0.9487344	0.9487344
LAS1L	4 2189;5959;27348;27466	GTGACGACCATTAAGTTGCAG;GGCCA	2 1.4902146	1.2299554	0.6520485	0.9497424	0.9490906
31-Aug	4 2451;5967;27032;35888	CTTCTCGTGTACTGCCCGG;GCACC	2 1.4891504	1.2072331	0.6535204	0.9505752	0.9490906
FOXE1	4 974;5970;22811;32109	CTTCCCTCAAGTCCCGCGCG;AGTAG	2 1.4887518	1.3942403	0.6540922	0.9500981	0.9490906
LSAMP	4 4080;5984;9837;26558	ATACAGCCTCCGAATCCAGA;AAAGAT	2 1.4888942	1.1103054	0.6567179	0.9526018	0.9490906
ILKAP	4 4171;5985;26971;70539	GGGAGGTTCATCAAGAGCAG;CATCC	2 1.4867617	1.1062893	0.6569196	0.9515872	0.9490906
SENP8	4 3200;5986;14377;58026	GCAGTCATGAACTGACTGT;GTAGAC	2 1.4866293	1.1548591	0.6571285	0.9505859	0.9490906
MOB3C	4 3201;5992;8992;60353	TGAGCTGTACAAAGAGGCA;CCAGT	2 1.4858349	1.1544032	0.6582793	0.9509479	0.9490906
STUB1	4 3495;5994;30691;35396	GCCATCGCCAATCTGCAGCG;TCTTC	2 1.4855704	1.1378748	0.6586608	0.9501991	0.9490906
BCL7A	4 1114;5997;20720;68396	TGATATCAAGAGGGTTCATGG;CGGAG	2 1.4851737	1.3645266	0.6592886	0.9498074	0.9490906
VASP	4 2342;5999;43430;44765	ATCATCATAAAGCATACAG;CCAGAT	2 1.4849093	1.2140085	0.6596899	0.9490906	0.9490906
CCDC175	4 2585;6004;11523;68639	GTTTCGCTCCAGAATTGCA;GGAGC	2 1.4842489	1.1944333	0.66093	0.9495811	0.9491675
MOAP1	4 448;6013;41367;49885	GGCTCCTTAGACCCAGAGCA;GCAAT	2 1.4830617	1.5554037	0.6626951	0.9508234	0.9491675
RPL14	4 2063;6014;17833;19919	ATTGATGCTGCCTTCTGCG;TTAGT	2 1.4829299	1.2380551	0.6628801	0.9497984	0.9491675
FZD1	4 1733;6020;19723;32087	GAGCTGGGAACTTTGTGCCG;AGATG	2 1.4821397	1.2725569	0.6640152	0.9501356	0.9491675
XPO6	4 1076;6026;35056;37765	GCTTCCCTACAGCAGCAGA;CTCC	2 1.4813503	1.369815	0.6652252	0.9505789	0.9491675
CA2	4 1955;6034;11703;32492	TGATCATAGGAACAGCAG;ACCATT	2 1.4802992	1.2474479	0.6667949	0.9515343	0.9491675
PENK	4 1554;6038;13925;40103	GCTTGCCTAATGGAATGTA;TGTCG	2 1.4797742	1.2934515	0.6676098	0.9514116	0.9491675
PSG8	4 1630;6040;16517;47177	GCAACCTGTGAGACATAGGG;TGAGG	2 1.4795118	1.2836294	0.6679778	0.9506531	0.9491675
SRPK2	4 2796;6058;10869;11207	GGATGGCGAATACGCCCCAG;TGAGG	2 1.4771549	1.1757571	0.6717585	0.9547469	0.9491675
SEL1L3	4 1060;6062;33320;33423	TCTCTTCTCTAGCTTCCGGG;GCAATC	2 1.4766322	1.3705676	0.6725153	0.9545378	0.9491675
SOX9	4 195;6065;54406;58015	GCTGGTACTTGTAAATCCGGG;GCAGC	2 1.4762405	1.7303985	0.6730703	0.9540433	0.9491675
TDRD3	4 3004;6068;9059;37367	TGCCCTGGTATCATTTCCAGG;GCTTCA	2 1.4758489	1.1614103	0.6736785	0.9536253	0.9491675
OXT	4 1705;6073;14764;29491	GCAGTTCTGGATGTAGCAGG;GGCC	2 1.4751968	1.2723726	0.6746785	0.9537623	0.9491675
TMEM86B	4 1882;6083;23727;69631	GCCATGGACGCTGGCAAAGG;ACAGC	2 1.4738943	1.2518556	0.67664	0.9552565	0.9491675
WFDC11	4 2675;6085;16183;32769	TGGGTATCCAGCTTTCATG;TGTCTC	2 1.4736341	1.1825079	0.6770839	0.9546069	0.9491675
OPN1SW	4 2367;6088;30412;58457	TCAAAAATATCTCTTCAGTG;TGCCCA	2 1.473244	1.2060953	0.6776462	0.9541259	0.9491675
INSM2	4 2014;6089;39502;66472	GGAGCCTCCTCCAAAGAGG;GCAAC	2 1.473114	1.2379276	0.6778697	0.9531697	0.9491675
RILPL2	4 1251;6091;18332;51288	ACTGCAGCTGCGTCAACCGG;GGAG	2 1.472854	1.3343949	0.6782439	0.9524277	0.9491675
TECR	4 1619;6092;13652;39198	GGTCTTCTAACAGAGTACG;GGGAG	2 1.4727241	1.2816078	0.6784508	0.9514529	0.9491675
FAM181B	4 3239;6097;12322;39602	GGGAGCCCTCCGAAAGCCGAA;TTTCC	2 1.4720748	1.1453069	0.6794789	0.9516309	0.9491675
GGACT	4 5819;6103;32312;62885	GGTGCCGTACACGAAGACTA;GTGTA	2 1.4712964	1.0416579	0.6806213	0.9519683	0.9491675
RPL31	4 616;6113;51818;67341	TAGATGGCTCCCGCAAGAA;AAGGG	2 1.4700011	1.4811979	0.6827772	0.9537206	0.9491675

AUXS2	4 77;6115;33882;50429	CGTCCCGGCCAGACCCCGG;AATGA	2 1.4697423	1.9278902	0.683165	0.9530016	0.9491675
CBX3	4 2109;6117;24372;38496	GGCTCCAACAAAACACAT;ACACAC	2 1.4694836	1.226956	0.6835839	0.9523279	0.9491675
AIG1	4 350;6118;38300;53580	GGATAGAGCAGTAAGACAGC;CTTTCC	2 1.4693542	1.6012956	0.6837897	0.9513596	0.9491675
FEZF2	4 209;6121;11604;52877	GCGCATCATGGCCAAGACGT;AGGGG	2 1.4689664	1.7118281	0.6843947	0.9509484	0.9491675
BP1FB2	4 5267;6123;13992;23529	GCACACTGACCAATGGAATAG;GCACC	2 1.468708	1.0568055	0.6847803	0.950234	0.9491675
ZNF800	4 5998;6127;29338;34214	CTACAAAAGCGAATTGTAAGG;CTGCC	2 1.4681914	1.0352217	0.6856171	0.9501466	0.9491675
ENPP4	4 4847;6128;58248;60595	GGAGTTGTAATTCATAAAAT;TGGAATT	2 1.4680623	1.0705984	0.6858094	0.9491675	0.9491675
PPAPDC3	4 253;6138;25970;30803	GGATGGTGCCTCCGATCCAG;TCGAT	2 1.4667728	1.6696291	0.6878198	0.9507039	0.9501552
KCTD8	4 4059;6146;35905;63805	ACTACTTCAGGGAAGGGCGA;GCAGA	2 1.4657428	1.1006566	0.6894248	0.9516766	0.9501552
C18orf21	4 5353;6155;15419;16351	AACAGAACAGTGAACATCA;GCCTG	2 1.4645859	1.052035	0.6911806	0.9528547	0.9501552
UPK1B	4 3582;6161;24018;58440	CTACAATGCCTAGAACAGAC;ATAGAT	2 1.4638156	1.1224548	0.692614	0.9535859	0.9501552
SUGCT	4 3670;6171;49414;55505	GTGATGATACACGAACCTGG;CATCAC	2 1.4625337	1.1173504	0.6945537	0.9550114	0.9501552
WDR53	4 359;6173;17336;66955	GAACTCCATTAGGACACACG;GCCTG	2 1.4622776	1.5923229	0.6949706	0.9543419	0.9501552
MMAB	4 5218;6176;11247;70895	ACGGGGATACAGGAGCCTGG;GGTGT	2 1.4618936	1.0549682	0.695534	0.9538752	0.9501552
FMO3	4 3728;6183;44281;70995	GTAGTACCTGTCTGCTGTG;ACATTC	2 1.4609985	1.1137101	0.696876	0.9544761	0.9501552
MNRLP36	4 893;6184;27708;41695	GCTCTATCTCAGTCTGCACA;TGACG	2 1.4608707	1.3984381	0.6970953	0.9535397	0.9501552
ZNF623	4 3424;6185;16905;25496	ATTCGGACCTAGTTAGGCAT;GCTCTC	2 1.4607429	1.1292685	0.6972783	0.9525561	0.9501552
RFPL4A	4 2949;6198;10296;45527	AGTGGATATGACGTTTCGATG;GTGCC	2 1.459084	1.1565408	0.699849	0.9548327	0.9501552
ZNF438	4 2644;6214;22704;29034	AGCAGCTGGAGTTGATGGA;GTTTT	2 1.4570476	1.1764654	0.7032824	0.958279	0.9501552
TMEM215	4 1328;6230;19831;22696	GGCTGTGATGACATTAACCCG;TGAAC	2 1.455017	1.3131894	0.7064903	0.9614095	0.9501552
ADM5	4 5544;6232;17443;61560	AGTATATGATCTCCGCCAGG;CCAGGT	2 1.4547636	1.0413079	0.7068999	0.9607288	0.9501552
ADIG	4 541;6233;13997;15236	ACAACAGCAAACCCACAGGG;CTACG	2 1.4546369	1.5010483	0.7071016	0.9597677	0.9501552
XAGE1D	6 3338;4043;19285;19468;21	AGAACCAGCAGCTGAAAGTC;TCTGT	2 1.4536702	1.0622816	0.7087159	0.9558161	0.9501552
XAGE1C	6 3338;4043;19285;19468;21	AGAACCAGCAGCTGAAAGTC;TCTGT	2 1.4536702	1.0622816	0.7087159	0.9558161	0.9501552
XAGE1B	6 3338;4043;19285;19468;21	AGAACCAGCAGCTGAAAGTC;TCTGT	2 1.4536702	1.0622816	0.7087159	0.9558161	0.9501552
XAGE1A	6 3338;4043;19285;19468;21	AGAACCAGCAGCTGAAAGTC;TCTGT	2 1.4536702	1.0622816	0.7087159	0.9558161	0.9501552
XAGE1E	6 3338;4043;19285;19468;21	AGAACCAGCAGCTGAAAGTC;TCTGT	2 1.4536702	1.0622816	0.7087159	0.9558161	0.9501552
PFN2	4 328;6241;44667;63910	AATGCTCTGAAAGAGCCGCC;CAAAT	2 1.4536243	1.607335	0.708719	0.9546011	0.9501552
ZNF454	4 5847;6242;24824;45201	ACCAAGACAGAAAGCCTCCAG;CTTCA	2 1.4534978	1.0319811	0.7089165	0.9536508	0.9501552
SLC35B1	4 3149;6245;18708;55317	CTTGAAGAAGAAATACCCGT;GTGTG	2 1.4531185	1.1411278	0.7095163	0.9532433	0.9501552
AP5Z1	4 4776;6252;14290;47860	GATGAGGAAGAGCCTCTGCA;GTTTA	2 1.4522343	1.0652268	0.7109228	0.9539193	0.9501552
SH2D2A	4 861;6253;13246;57661	TCACCTGTAAGTCAGCACGA;GTAGG	2 1.4521081	1.4016985	0.7111099	0.9529594	0.9501552
CBWD3	4 190;6255;14152;63736	GCAACATAGTAAAGAGTAG;GAGTGC	2 1.4518557	1.7238029	0.7115298	0.9511082	0.9501552
CBWD5	4 190;6255;14152;42335	GCAACATAGTAAAGAGTAG;GAGTGC	2 1.4518557	1.7238029	0.7115298	0.9511082	0.9501552
OR13J1	4 5823;6260;28640;41552	GGAGCCGCTCAACAGAACAG;GATGT	2 1.4512251	1.0315108	0.7125143	0.95122	0.9501552
SEC14L4	4 1196;6268;37665;56825	GATCACAGATCCTTACCCTT;ATCCGA	2 1.4502174	1.3323519	0.714271	0.9523614	0.9501552
FAM129B	4 2868;6270;11710;55590	GGTGTCTTACGAAAACAAAG;CTACAT	2 1.4499657	1.1572943	0.7146785	0.951703	0.9501552
POLR3B	4 1409;6280;54221;54431	GCAATGCCTTACCTATCCGG;CGTGG	2 1.4487084	1.2978983	0.7166234	0.9530911	0.9501552
HLTF	4 1138;6281;39611;73289	TCTCAAATCTCAAATAAAA;TTAGGAT	2 1.4485828	1.3418152	0.7168323	0.9521698	0.9501552
TEK3	4 2237;6289;16259;52562	CGTACTGCACAGATCACAG;ATAAGC	2 1.4475788	1.2043589	0.7184488	0.953118	0.9501552
BCAT2	4 1015;6293;12309;38911	GTCCGCCAGGAGGGAGACCG;GGTC	2 1.4470773	1.364812	0.7192419	0.952973	0.9501552
CRX3	4 1897;6294;43117;50101	GAAGGTCTGGGGACAAGCCA;GCAG	2 1.446952	1.2367948	0.7194225	0.9520443	0.9501552
TEXT36	4 2762;6298;15774;67495	CCTTCTCCGTGCATGACAAT;TCCTGG	2 1.446451	1.1627539	0.7202222	0.9518831	0.9501552
IL7R	4 6101;6300;27835;72335	CCTCGAGAGAAGCTCCAAC;ATTCTC	2 1.4462006	1.0215066	0.7206057	0.9511996	0.9501552
NPBWR2	4 6030;6302;24167;50197	GGCAGGAGCACATAGAGGAA;CGTCA	2 1.4459503	1.0232493	0.7209904	0.9505191	0.9501552
NGFR	4 141;6305;40871;72781	GGTAGTAGCCGTAGGCGCAG;ACACE	2 1.445575	1.7850015	0.7216141	0.9501552	0.9501552
FBXW11	4 4014;6312;62073;70655	GCTCATCATACTGCAGACAG;TGCCG	2 1.4447002	1.0921411	0.723033	0.9508379	0.9504021
FATE1	4 5506;6315;28082;70887	GAGCTTGGATCTCGTCCCG;CAACT	2 1.4443255	1.0372244	0.7236016	0.9504021	0.9504021
RNASE12	4 376;6332;24274;67561	GAACGGGAACGTCATTCTGA;GCTTC	2 1.4422064	1.5723897	0.7271806	0.9539164	0.9514458
VVA2	4 2436;6337;40418;48120	GGAAAACAGAAAACACAGA;TGTGT	2 1.4415844	1.1846478	0.728192	0.954058	0.9514458
TMED7-TIC	4 3809;6338;14944;48460	TGTCGATTAGAAGATCCTGA;GCCGC	2 1.441416	1.1000174	0.7283875	0.9519519	0.9514458
TMED7	4 3809;6338;14944;48460	TGTCGATTAGAAGATCCTGA;GCCGC	2 1.441416	1.1000174	0.7283875	0.9519519	0.9514458
PLEK	4 1422;6341;11128;17456	GATCACTACGACAAACAGC;TTGCC	2 1.4410871	1.292209	0.728982	0.9515513	0.9514458
ROR1	4 407;6345;12240;33047	GGAGCGCCGCGCCTCCCG;GATT	2 1.4405902	1.5546501	0.7298022	0.9514458	0.9514458
MPV17L2	4 3207;6358;18205;19615	TGTTAGTGACGAGCAGCGCG;GCTGC	2 1.4389776	1.1306226	0.7324301	0.9536944	0.9521868
TKTL2	4 990;6360;25850;68964	GTCAACAAACGGCAATCCGG;CCTGT	2 1.4387299	1.3658327	0.7328781	0.9531026	0.9521868
PHLDB3	4 5709;6361;19669;57836	GGAGCGCTCCGAACTCCGTT;GTTC	2 1.438606	1.0284171	0.7330756	0.9521868	0.9521868
HPCAL4	4 15;6379;7586;31450	GCTGAAACTCCTCCAGTTG;AGAGC	2 1.4363805	2.265868	0.7370018	0.9561105	0.9561105
SMARCA2	4 6165;6384;14846;27859	GCTCTTGCGAATTTCCACG;ACTACA	2 1.4357635	1.0146302	0.7380122	0.9562465	0.956214
SIPA1L3	4 2784;6388;50448;73664	TTCTGGGCCCAGAATCCAA;CTAAG	2 1.4352703	1.1556401	0.7388927	0.956214	0.956214
FUT3	4 6145;6399;20930;59254	TGTCCTGAGCAGGATCAGGA;GGTTG	2 1.4339158	1.0142218	0.7411165	0.9579807	0.9579807
MMP24	4 4823;6407;14171;34998	AAGTGGGTGAGCTAGACACG;GGGAC	2 1.4329323	1.0538874	0.7428074	0.9589299	0.9589299
PLP1	4 1998;6420;60658;72217	TCCATAGATGACATACTGGA;GCTGAG	2 1.4313371	1.2186278	0.7455871	0.961343	0.9609872
SLC7A7	4 724;6422;21029;48198	GCTGGCCCGAGATTTCTTAA;GGTGA	2 1.431092	1.427615	0.7462211	0.9609872	0.9609872
SFR1	4 4252;6440;16282;52641	ATTTAATTCCTCTTACAATG;AAGTCCC	2 1.4288899	1.0739256	0.7499841	0.9646568	0.9615486
NR2C3	4 4099;6441;12780;18555	TAATAGGCTGAAACAAGCCA;GGAAG	2 1.4287678	1.0804087	0.7501837	0.9637397	0.9615486
ULBP2	4 5585;6442;21921;36950	CTCCTGGTCTACAATGGCAG;TACGG	2 1.4286457	1.0270354	0.7503989	0.9628448	0.9615486
FERRM2	4 841;6448;54003;60073	TTAAGAGAGAAAGTTCTTCG;GATGCC	2 1.4279134	1.3945283	0.7516723	0.9633082	0.9615486
CACNA1G	4 1853;6450;40757;42462	CTTGGTCTCTGAGAACTGCG;CTATTA	2 1.4276695	1.2318558	0.7520673	0.9626462	0.9615486
UBQLNL	4 3901;6454;9066;40589	GGACTTGATGACCAAGTAGA;TGGAG	2 1.427182	1.088542	0.7528948	0.9625386	0.9615486
KCNIP1	4 5603;6458;11551;54008	TCTCAATAAATCGACAGAG;AGATGA	2 1.4266947	1.0255309	0.753716	0.9624233	0.9615486
C6orf120	4 1189;6459;13218;47896	CCTGTCTCCGGGAAGCTGCG;GCAG	2 1.426573	1.3217423	0.7539415	0.9615486	0.9615486
ITGA10	4 1136;6467;24725;59878	GCTGGAATGAAGCTCCACA;TTTCTC	2 1.4255997	1.3306878	0.7556432	0.9625564	0.961783
HIC2	4 1985;6473;32251;36258	CCATGATGATGACGTCACAC;GGCTI	2 1.4248706	1.2166955	0.7568719	0.9629599	0.961783
RASD2	4 3074;6489;61276;69830	GGATGTTGATACCTTACCG;GTGTGT	2 1.422293	1.1305853	0.760454	0.9663531	0.961783
TSPAN16	4 1048;6494;21655;36167	TTTAGTCGGCTTACCACC;GGATGC	2 1.4223246	1.3457799	0.7615278	0.9665545	0.961783

SCAND1	4 762;6500;10308;10444	GCTCCTTCCAGTTTCTCCGG;GCCTT(2 1.4215989	1.412095	0.7627908	0.9669953	0.961783
PPP6R2	4 2737;6507;26081;26938	GCTTTGGTACACTTGAAG;GTTAGG	2 1.4207532	1.151653	0.7643012	0.9677483	0.961783
RNF215	4 5665;6514;17099;25872	TCTCATCCTGAAACCACAACG;TAGTC1	2 1.4199085	1.020333	0.7657232	0.9683877	0.961783
DNAJC28	4 5607;6518;53838;72466	CCATCACTTGTTCAGCAGCA;TTATAG,	2 1.4194263	1.0217794	0.7665788	0.96831	0.961783
ZNF80	4 5710;6519;31898;74645	ACATCAGCAGATTACACTG;GGAGA/	2 1.4193057	1.0187384	0.7667991	0.9674312	0.961783
GATB	4 1501;6521;25371;71344	GCTTTCCGCCGGTTGACGG;GAACC	2 1.4190648	1.2701601	0.7671973	0.9667784	0.961783
PCDHB14	4 5745;6522;51753;64373	AAGACTCTGGAGACAATGGG;GTGGC	2 1.4189443	1.0175614	0.7673896	0.9658682	0.961783
RNF17	4 570;6524;24231;29934	TAGACAACGCTACTACCCAA;CCTGGT	2 1.4187035	1.4719976	0.7677815	0.965211	0.961783
CAPZA3	4 3165;6530;14824;42625	GTGAATGACCACTATCCAAA;GTTATT/	2 1.4179815	1.1226045	0.7692565	0.9659154	0.961783
ARL17B	4 2395;6532;12738;20384	GTGCCTGCCGTCCCTACAGT;TTACCT	2 1.417741	1.1760424	0.7696661	0.9641369	0.961783
ARL17A	4 2395;6532;12738;20384	GTGCCTGCCGTCCCTACAGT;TTACCT	2 1.417741	1.1760424	0.7696661	0.9641369	0.961783
FAM214A	4 4606;6537;13414;24756	GGTAAACAAGACTGTGCTGGA;GTGAA	2 1.4171401	1.0539677	0.7706494	0.9642249	0.961783
ARNT	4 5382;6541;34866;64841	GATGACCCAGAGGCTGGCCA;TTGTC	2 1.4166598	1.0271712	0.7714478	0.9640815	0.961783
SNRPC	4 1715;6542;34071;59031	GCAGGAGGAGGAGCAGAGAA;GTGA/	2 1.4165397	1.2418635	0.7716671	0.9632157	0.961783
ARFGAP1	4 3474;6543;18143;21400	GAAGTACAACAGCAGAGCCG;GCTTC	2 1.4164197	1.1044161	0.7718948	0.9623623	0.961783
CRYG	4 4537;6549;52280;73517	CCACCCTGGATGGAGTTGCAG;GCAGC	2 1.4157001	1.0558842	0.7731141	0.9627459	0.961783
GABARAPL	4 4089;6559;8904;67574	ATATTTCCGTCGAATCTTCG;GGTTCC,	2 1.4145023	1.073714	0.7752212	0.9642327	0.961783
LUM	4 3444;6561;10013;30737	TAGAAAACCTCAAAGATAAAA;TCATCC/	2 1.414263	1.1049466	0.7756474	0.9636278	0.961783
CCDC109B	4 4540;6563;28363;47894	CTTACCATCAGGTGGCACC;GTCAC/	2 1.4140237	1.0549303	0.7760767	0.9630282	0.961783
MDM2	4 2749;6565;11173;17535	TTGCAATGTGATGGACGGG;AGACA/	2 1.4137846	1.1473274	0.7764987	0.962421	0.961783
CCDC28B	4 862;6567;36055;40367	GCAGCACTCCTTCTGACCG;TGGCA	2 1.4135455	1.382174	0.7768948	0.961783	0.961783
BYSL	4 3894;6589;63878;69430	CATTGTGGCAGCTTCTCCA;GCTGA/	2 1.4109211	1.0807371	0.7817836	0.9667019	0.9635371
BGN	4 5757;6592;44529;61871	AGAAGGCTTACGCCCACTG;CGACA	2 1.410564	1.0130315	0.7823989	0.9663313	0.9635371
ARID3A	4 5185;6596;18585;70209	TCACAGCTCTACGAACTCGA;CCTCC1	2 1.4100881	1.0301337	0.7832378	0.9662373	0.9635371
GHITM	4 2877;6597;18548;65327	TTTCCACCCAGCTTTACCCA;GTACTT	2 1.4099692	1.1366973	0.7834384	0.9653571	0.9635371
ENTPD4	4 6131;6612;10611;34438	ACAGAAAGCTCAAAGTGCACG;TCATA/	2 1.4081878	1.0017201	0.7866526	0.9681878	0.9681878
STARD4	4 1893;6638;65816;70202	TATTTCCGGAGAACTTTGAA;GTATCA/	2 1.4051108	1.2162968	0.7923543	0.97407	0.9698697
C2orf72	4 4365;6643;61468;65166	GCACGAAGACCAGCGGCGAG;GCTG/	2 1.4045206	1.0570914	0.793453	0.9742865	0.9698697
SLA2	4 4283;6647;13223;49462	ACGTGGCCAAAGTCTCCAT;CATGGC	2 1.4040488	1.0602144	0.7943033	0.9741978	0.9698697
PRKACB	4 2210;6651;21489;57900	CATGGCATAACTGTTCAG;GACCGC	2 1.4035774	1.1847523	0.7951703	0.9741297	0.9698697
OASL	4 3947;6652;21838;22663	GAGAACCCTGCCATTCCCGA;CTGAG	2 1.4034596	1.0745587	0.7954	0.973282	0.9698697
KCNS2	4 6622;6654;37731;68924	GATCTCATCGAAGGAGACG;GCTCG	2 1.403224	0.9871917	0.795822	0.9726714	0.9698697
MYO5C	4 5422;6656;54508;59518	GGACCTCTCGTTGCCACCG;GGCAT	2 1.4029885	1.0191038	0.7962597	0.9720812	0.9698697
KRTAP8-1	4 6393;6666;40907;56674	CAGCCAACTGTATATCCCG;ATCCCTG	2 1.4018122	0.9919399	0.7983823	0.973547	0.9698697
EGLN3	4 2815;6667;46430;50207	GGACCTGGAGAAAATTCGCC;ACAGG	2 1.4016946	1.1367286	0.7985933	0.9726812	0.9698697
MT1B	5 3303;5251;31563;32841;41	AGGAGCAGTTGGGATCCATT;GCAC1	2 1.400987	1.067465	0.7999062	0.9731578	0.9698697
SLC22A1	4 3818;6682;29885;72190	TGGTGGCCAGGCTAGCCAGG;GGGA/	2 1.3999342	1.0788247	0.8018657	0.9744191	0.9698697
MTRNR2L3	4 3577;6685;21506;24589	CACGGATAGATCAATTTAC;TTGAAT(2 1.3995826	1.0905959	0.8026848	0.9742933	0.9698697
WFDC2	4 934;6687;19477;44715	GTCTGGTCAGCCTGGAGCT;GCCCC	2 1.3993483	1.3582912	0.8030902	0.9736662	0.9698697
SERPINB9	4 5088;6689;16650;58838	CTTTGCCCTAGGAGAACCA;GTTTG/	2 1.3991141	1.0278391	0.803532	0.9730846	0.9698697
TTC39B	4 1236;6692;17193;20027	GCCCCAATAGAGTTGCTGAA;GAGCA	2 1.398763	1.2998357	0.8041734	0.9727458	0.9698697
LNPFP	4 3597;6699;38792;49312	GCTGAATTAGTCCAATTGAC;GGGTTT	2 1.3979443	1.0887492	0.8056744	0.9734465	0.9698697
TRAF3IP3	4 1008;6701;11748;39147	AGATCCCTGCAGATGCCTGA;TCCTC(2 1.3977106	1.3415695	0.8060902	0.9728358	0.9698697
NPC1	4 6429;6705;33366;37720	TTATACCTACCTGAAAACAC;TGATACA	2 1.3972434	0.9887797	0.8069177	0.9727227	0.9698697
MED1	4 4163;6707;31283;74182	ACACAACCTACCACACACCA;GGGTT/	2 1.3970099	1.0617564	0.8073574	0.972143	0.9698697
OR4L1	4 3441;6708;13178;15075	CATGATTGTCTATAGTGCA;ATGATTC	2 1.3968932	1.0964235	0.8075778	0.9713008	0.9698697
TM9SF4	4 6308;6712;11543;12648	CATCCTTTACTGATCTCGGG;GTACTC	2 1.3964265	0.9913433	0.8083792	0.9711587	0.9698697
BHMT2	4 1683;6714;26048;52251	AAAAGAATCAGATAGACCCG;GCCTC/	2 1.3961933	1.2354946	0.8088096	0.9705715	0.9698697
TGIF2	4 3204;6716;14415;45748	GGTTTCATCAATGCCGCGCG;GTAAC/	2 1.3959601	1.1092897	0.8092326	0.9699769	0.9698697
FAM3A	4 316;6721;12188;33813	AGGGGCCCTACCCTTACCA;GGAGC	2 1.3953776	1.5861999	0.8103252	0.9701852	0.9698697
MFN1	4 4262;6724;35079;50241	TTATATGGCCAATCCCACTA;CTAGAA/	2 1.3950283	1.0565772	0.8109801	0.9698697	0.9698697
ANKRD31	4 6007;6735;52458;71835	GATGATGCCTGTTCTTAGCG;GATACA	2 1.3937491	0.9977604	0.8133075	0.9715528	0.9707118
ZNF853	4 1297;6736;48335;60475	CTACTATTGCTGCAGCAGCA;AGCAAC	2 1.3936329	1.2873512	0.8135227	0.9707118	0.9707118
PSG4	4 5799;6752;49742;52006	GATCCAGATGTCAGCAGG;ACAGC	2 1.3917768	1.0024565	0.8171952	0.9739934	0.9710341
AP2A2	4 2716;6759;25065;62601	GGACAGCGTGAAGCAGAGCG;GTAC/	2 1.3909663	1.138242	0.8187212	0.9747121	0.9710341
TMEM56-R	5 1677;5323;11350;11650;3	ATCCACATGCCATTTCTTTGG;ATATTCA	2 1.3905098	1.1898512	0.8195747	0.973533	0.9710341
TMEM56	5 1677;5323;11350;11650;3	ATCCACATGCCATTTCTTTGG;ATATTCA	2 1.3905098	1.1898512	0.8195747	0.973533	0.9710341
BCL7B	4 6623;6763;48979;61963	CCATTTCCGCACCTTTCTCGA;TCCTGT	2 1.3905035	0.9808082	0.8195747	0.9724391	0.9710341
PRPF19	4 4920;6764;19968;70275	AGACCCAGACACTCACCCAGC;GCTCA	2 1.3903879	1.0291964	0.8197722	0.9715818	0.9710341
NUDT16	4 3246;6766;7553;46598	AGCGGCTGCCGCTTTCCGCG;GCTG/	2 1.3901567	1.1039428	0.8202295	0.9710341	0.9710341
GALT	4 3529;6786;10692;35864	GCTAATGGAGTACAGCCGCG;CCTCA/	2 1.3878488	1.087223	0.8246287	0.9751489	0.9722296
MCPH1	4 644;6788;55718;70020	GTTTCATTATAGTGTGCA;GCTCGT/	2 1.3876184	1.4306003	0.8250383	0.9745419	0.9722296
DTL	4 3788;6789;57362;64493	AGCACAGTAGGAGGTTGCCA;ACAGC	2 1.3875032	1.0740465	0.8252503	0.9737032	0.9722296
TEX13B	4 5180;6792;46011;56117	GGTCTTGGCCCTCAAACCTGA;GCTAA/	2 1.3871579	1.0188313	0.8261797	0.9737117	0.9722296
SLC8A2	4 2231;6793;32985;66682	TCTACCGCATCCAGGCCAG;ATAGG(2 1.3870428	1.1746201	0.8263876	0.972871	0.9722296
ZMYM3	4 4599;6797;12960;13031	GCTGGCCTGGAAAAAGACCC;AACGT	2 1.3865827	1.0389542	0.8272982	0.9728584	0.9722296
HTR3A	4 4053;6801;25754;51077	GAGCAGTTCTGGACATCGAA;GGAGG	2 1.3861228	1.0611124	0.8281568	0.9727848	0.9722296
NAT1	4 2234;6803;23025;26095	GGTTCTCAAAGGAACAGCT;TTTGAC	2 1.385893	1.1737804	0.8286048	0.9722296	0.9722296
NAP1L5	4 2524;6814;17597;32816	TGCGGAGCCTAGCCAGGCG;TGGC/	2 1.3846305	1.1492587	0.8309634	0.973915	0.9723019
SPERT	4 5112;6818;56923;66376	CATGGGGTCTAAAGGCACGG;GATGG	2 1.3841719	1.0195707	0.8318626	0.9738879	0.9723019
ZNF334	4 433;6824;20035;53291	GTACACCAGAAAATTCATGG;CTACAA	2 1.3834847	1.5128786	0.8331911	0.9743363	0.9723019
ELK4	4 6593;6825;45670;72399	TCTGTTGGACCTCTAATGAT;CCTCAG,	2 1.3833702	0.9779403	0.8334208	0.9735535	0.9723019
TMEM184B	4 87;6826;49690;69502	CTTCCACACAGAAAGTACA;GATGAC	2 1.3832557	1.85822	0.8336308	0.9727228	0.9723019
ARX	4 2735;6832;35275;59484	GATGCTGTGATGCACTGAG;CATGAC	2 1.3825694	1.1327018	0.8349343	0.9731685	0.9723019
TBC1D29	4 1857;6838;50388;65498	CCAGCAAATACATATCCAC;TTACCC(2 1.3818837	1.2085305	0.8362919	0.9736762	0.9723019
EXOSC1	4 6810;6840;48380;72964	CGTCTGTGTAACCTGGAGGA;CGAAC(2 1.3816553	0.9721302	0.8367212	0.9731031	0.9723019

MCMD2	4 6408;6846;9986;24015	ACTTCTGTCAAGATAGATGA;TCAAGA	2 1.3809705	0.9811533	0.8382472	0.9738054	0.9723019
SORBS3	4 5110;6850;19381;56203	GCACATCTGCCTGATCCCGA;CCTTAC	2 1.3805144	1.0178082	0.839135	0.9737654	0.9723019
NEIL1	4 4571;6852;71923;73535	ACTTTCCCCCAAGGTCGCCAG;CCCTC	2 1.3802864	1.0368719	0.8395601	0.9731893	0.9723019
BMP2	4 2362;6856;19430;30732	GCAGCAACGCTAGAAGACAG;GCTCA	2 1.3798308	1.1598028	0.8404905	0.9731995	0.9723019
USP43	4 1873;6866;24685;74371	GCTCAGGGCTTGAAGAACCA;GCTG	2 1.3786928	1.2052152	0.8426495	0.9746308	0.9723019
LRTOMT	4 5248;6868;16323;68095	TCTGAGAGACTTAAACACAG;CCAAC	2 1.3784655	1.0122907	0.8430996	0.9740845	0.9723019
RGS7	4 3933;6870;25043;74056	TTATGGGCAGACCAGCAACG;GACTT	2 1.3782382	1.0625907	0.8435996	0.9735969	0.9723019
SLC16A10	4 5023;6874;21993;70518	TCTTTGGTACTGGTAGCAAG;TATGGA	2 1.3777838	1.0193578	0.8445071	0.9735803	0.9723019
PODNL1	4 5437;6880;20414;61565	CTCATCTCCAAGGTGCCCG;GCCCA	2 1.3771029	1.0057021	0.8457784	0.9739826	0.9723019
BAK1	4 4532;6881;9940;56208	GCAGGTAGCCCAGGACACAG;GGAAC	2 1.3769894	1.0367219	0.8459978	0.9731739	0.9723019
P4HB	4 2846;6885;21553;54880	TTCTGCCTTACGCTTCCAG;ATACCA	2 1.3765359	1.122052	0.8468803	0.973129	0.9723019
CA10	4 204;6889;22355;37523	GCATACAAGGAGGTGGTCCA;ACTTG	2 1.3760827	1.6706005	0.8477774	0.973101	0.9723019
WDR35	4 1743;6890;9840;53003	AGATGCTATGATAGCAAGA;TCACAC	2 1.3759694	1.2183117	0.8480019	0.9723019	0.9723019
RNASE2	4 1296;6898;45787;63406	GGTTTCAAACCATTTAGAGCC;CATTGA	2 1.375064	1.2782253	0.8499687	0.9734999	0.9731733
GLYATL2	4 3717;6910;11609;41444	CTTGGATGAAGCAATAAGAA;CCTTTC	2 1.373708	1.0706056	0.8525996	0.9754553	0.9731733
GKN2	4 148;6912;18278;60390	GATACAATCTCATGGATACG;TGACAT	2 1.3734823	1.738495	0.8530581	0.9749235	0.9731733
ZNF878	4 6398;6913;14615;74447	GTGTGTGGAGAATCGGCAT;TTCCCF	2 1.3733695	0.9775965	0.8532982	0.9741437	0.9731733
HIST1H4F	4 4762;6919;30881;69881	CGCCGCGTGGGCCAAGCGA;GGTA	2 1.3726928	1.025963	0.8546028	0.9745794	0.9731733
SLC26A9	4 4586;6925;12281;61987	GCTCTGTCTACCAGTAGCG;GATGA	2 1.3720168	1.0321651	0.8559157	0.9750237	0.9731733
FGF3	4 360;6930;34513;70870	GTTCATGGCCAGTACCAGCC;GTACC	2 1.371454	1.5463159	0.8570622	0.9752777	0.9731733
CBX8	4 268;6934;37327;49072	ATGACAAGCCAGCTCACCG;ACCAT	2 1.3710041	1.6093689	0.8579832	0.9752748	0.9731733
KIAA1841	4 2849;6935;8466;52461	AATCCCTCAGACTCAACT;TTTCCCF	2 1.3708916	1.1190283	0.858187	0.9744575	0.9731733
SAMHD1	4 1292;6939;7985;13866	GTGCTGCTGAAGAATCCG;TTACCT	2 1.3704421	1.2765501	0.8590633	0.9744047	0.9731733
OR6C70	4 1132;6948;42722;52669	CATAGGACAGAGCAGCTAGA;CTGGG	2 1.3694316	1.3033343	0.8613242	0.975921	0.9731733
KCNK2	4 713;6954;19398;23164	CCGCTCAGAACTCCAACCG;TCAGA	2 1.3687588	1.399676	0.8626828	0.9764127	0.9731733
DIDO1	4 6050;6956;19081;57670	GGAGCCCGAGAAGCATCAGG;AGCA	2 1.3685347	0.9840123	0.8631381	0.9758821	0.9731733
MEGF6	4 161;6961;40497;70341	CTACAGGCAGGTGTATACCA;CGTGG	2 1.3679747	1.7175727	0.8643013	0.9761521	0.9731733
SYN3	4 2194;6962;12186;12969	GAGTAGAGAGAGTTGACAGC;ATACC	2 1.3678627	1.168329	0.8645175	0.9753531	0.9731733
C5orf42	4 5430;6963;50441;69809	AGAAAAGTCTACTTGCAGCG;TAGGC	2 1.3677508	1.00124	0.8647358	0.9745882	0.9731733
PAX4	4 6048;6964;43820;45940	AGGATCCGTGAGATGTCACA;GGCCA	2 1.3676389	0.9836172	0.8649676	0.9737802	0.9731733
PCDHA9	4 3798;6968;51496;58146	GTGTCGCTGGGAACACTGGA;TCAAG	2 1.3671915	1.06341	0.8658471	0.9737322	0.9731733
DIO3	4 6696;6973;20401;58795	GGAAGCGCGGGAAGAGCAGC;CCTC	2 1.3666325	0.9671914	0.8669541	0.97394	0.9731733
R3HDM1	4 6096;6974;7476;35608	CAGAGATGTGGCGCTTCCGG;CACCA	2 1.3665208	0.9817973	0.8671932	0.9731733	0.9731733
SCN1A	4 4864;6983;23748;60434	GCAACCTGAGTTCAGACCAGT;CTAAG	2 1.3655161	1.0187235	0.8682857	0.9744859	0.9737506
HNF4G	4 811;6989;15822;27051	CACTGTTGAGAGCTCACGCA;AGTAT	2 1.3648471	1.3706181	0.8706475	0.9749774	0.9737506
ING1	4 3062;6991;55041;74356	GCAGGAGCTGGGCGACACAG;GCGC	2 1.3646242	1.1021726	0.8710851	0.9744342	0.9737506
ZNF763	4 1913;6996;10948;20196	ACACAAGAAAGCAATCACAC;TGTTG	2 1.3640673	1.1936719	0.8722046	0.9746541	0.9737506
KLK8	4 595;6999;20227;25060	GACCTCGTGGGCCAAGACG;ATCCA	2 1.3637335	1.4354113	0.872873	0.9743699	0.9737506
CTAGE1	4 3873;7002;8153;36064	TATGCTTGAAGAAGATGTA;CTACAG	2 1.3633997	1.0579575	0.8737577	0.9743274	0.9737506
SLC5A3	4 6075;7008;19437;50073	GCTTCTATTAGATTCCACA;AATATT	2 1.3627328	0.9804532	0.875136	0.9748351	0.9737506
TMEM57	4 6966;7012;26716;56051	AAAGCGGAACCCGGATCACCG;TTTAT	2 1.3622885	0.9590275	0.8759978	0.9747668	0.9737506
TBC1D25	4 6346;7015;16208;16431	ACGTGTTGCTGGCTGAGAAA;TCACAI	2 1.3619554	0.9731657	0.8766839	0.9745033	0.9737506
TOPAZ1	4 6839;7019;28559;60338	TCAGACTCGTCAGACCCCG;TTAAA	2 1.3615116	0.961414	0.8776142	0.9745117	0.9737506
TCF10L	4 937;7025;17737;31520	TGTCATGGAGAAGACAGCT;CGAGT	2 1.3608465	1.3383704	0.8789625	0.9749836	0.9737506
GRHL2	4 6374;7031;18184;53657	CCACCTGTGCATATCCCG;GTAGT	2 1.360182	0.97159	0.8803315	0.9754775	0.9737506
JUNB	4 2908;7032;10073;52213	ACTCCTGAAACCCGAGCTCG;CTGAT	2 1.3600713	1.1097024	0.8805498	0.9746966	0.9737506
OXR1	4 425;7036;13915;45134	TCACTGGACTCACTTAGGTT;TGACCA	2 1.3596287	1.50493	0.8814697	0.9746932	0.9737506
CD8A	4 2804;7037;13561;50041	CCGAGGGGCTGGACACCCAG;ACAA	2 1.3595181	1.1163908	0.8817015	0.9739297	0.9737506
EIF2S2	4 3617;7043;42055;42375	TTTCTGAGCCTGCCAAGCA;GCCTT	2 1.3588549	1.0681837	0.8830778	0.9744307	0.9737506
GGA2	4 6490;7056;22981;23881	AGGACCTTCAGCTGCAAA;TTAAT	2 1.35742	0.9673998	0.886319	0.9769863	0.9737506
ANAPC1	4 1690;7062;38643;74290	GGGACTCTACTAAAAGCAC;TTGGG	2 1.3567588	1.2149386	0.8877057	0.9774945	0.9737506
SLC12A5	4 4337;7064;14443;19606	CCTGCTGCAGGCCATCTCGA;TCATG	2 1.3565386	1.0342385	0.8881527	0.976968	0.9737506
RNF183	4 6227;7067;24875;48915	GTATGGAACGTGTTGTTGAA;TGAAG	2 1.3562083	0.9732694	0.8887774	0.9766378	0.9737506
TMEM167A	4 1284;7068;19890;50358	CAAGGATCGAATTAAGCAC;TTATTT	2 1.3560982	1.2706559	0.8890228	0.9758919	0.9737506
HERC4	4 4316;7073;40735;73354	ACCCAAACCTAGCTGCCAA;TTTGG	2 1.3555482	1.0346029	0.890135	0.9760982	0.9737506
PLXNA4	4 4943;7077;9193;50305	TGATGTTGAAGGTGTCCGAA;GTTCT	2 1.3551085	1.0107587	0.8910862	0.9761276	0.9737506
PCGF5	4 4835;7083;57012;67263	TTACCTGTATATCTGTAAA;ACTTACG	2 1.3544495	1.0142183	0.892424	0.9765801	0.9737506
ODF3B	4 434;7084;9628;57935	TGGCGGCCACACCCGCCCG;GCAC	2 1.3543398	1.497814	0.8926319	0.9757964	0.9737506
SUV420H1	4 5067;7087;21229;43404	CACACACTACCTACCTCACA;GCAAAA	2 1.3540106	1.0059888	0.8932899	0.9755058	0.9737506
FUBP1	4 6499;7088;7721;62899	TTCTAACTAGTAATTGGCG;GCTGAG	2 1.3539008	0.9654253	0.8935259	0.9747555	0.9737506
RNF126	4 2032;7090;16256;36503	GCAGTGGCAGAAAGTACCGT;GCCAA	2 1.3536815	1.1764407	0.8940072	0.9742741	0.9737506
PRKCI	4 5927;7092;24469;50334	ACTGAGATGATAGTGTACAC;TCAACA	2 1.3534622	0.9797699	0.894449	0.9737506	0.9737506
KLHDC7B	4 3988;7103;12561;13654	ACACACTCTGAGGACAGACA;GGTAG	2 1.3522574	1.0470913	0.8969479	0.9754655	0.9754655
SLC25A30	4 6545;7110;17196;36000	ATGCCTGGCGTAAACATCGCG;GTGTG	2 1.3514918	0.9631288	0.8988211	0.976497	0.9755423
AMPD2	4 5397;7113;12847;21635	GGTGGGGCAGAAGCTCTGCA;AGATT	2 1.3511639	0.99396	0.8995633	0.9762989	0.9755423
ZNF311	4 3759;7114;31694;66015	GCACCGGATAATCCACACAG;TCCAG	2 1.3510547	1.0572246	0.8997899	0.9755423	0.9755423
KCNIP3	4 5824;7124;49987;58774	GATGAACAGACACCACCA;GGAGC	2 1.3499631	0.980852	0.9020415	0.9769803	0.9769803
GRHL3	4 6439;7136;25139;31377	AGATATCCTGAAACCTCCCG;GCCACC	2 1.3486556	0.9642437	0.9048055	0.9789699	0.9779568
PCDHB16	4 2507;7137;48955;62776	CTAGATCGAGAGGAGCTATG;GTTGG	2 1.3485467	1.1325309	0.9050384	0.9782196	0.9779568
ANKRD44	4 3449;7140;65770;69055	TGCGGCTCTGAACGGCCAG;TAAA	2 1.3482203	1.071656	0.9057213	0.9779568	0.9779568
PHKA1	4 1604;7148;18424;67935	GCAGGTTCAAGATAAAG;GAGGAC	2 1.3473505	1.2208085	0.9075903	0.9789739	0.9788878
FBXO31	4 6768;7152;58076;68003	CGAGCCGGACACAGACCCCG;GCTC	2 1.346916	0.9557009	0.9084375	0.9788878	0.9788878
ATXN7	4 1636;7160;12739;21525	GCACCTGGACAGATTCTGAA;CGAGC	2 1.3460479	1.2161531	0.9104656	0.9800731	0.9800731
PALM2	4 3716;7171;44846;49212	GTACCGCCAGAAATTAATG;CATTCA	2 1.344856	1.0562288	0.9129729	0.9817712	0.9809984
ACSS2	4 1239;7174;31065;46902	CGCTCCGTGGAGGAGCCCG;CTTCT	2 1.3445313	1.27222	0.9136538	0.9815039	0.9809984
FAM120B	4 5872;7176;10046;58220	GCTGTTGACTAAATACAGAG;AAACCF	2 1.3443149	0.9766998	0.9141122	0.9809984	0.9809984

AES	4 4877;7188;24221;59187	CCTGCCCTACCTTCCCAAG;GATGC;	2 1.343018	1.0070162	0.9169178	0.9830103	0.9824921
PLEKHG3	4 6153;7190;13446;65467	GAGGAGGAAGAAGAAATGGG;GCTCA	2 1.3428021	0.9684585	0.9173648	0.9824921	0.9824921
PSMF1	4 3540;7199;9682;47100	TTATTGTTGTTCACCACTG;CATTGG	2 1.3418313	1.0636392	0.919475	0.9837544	0.9837544
PRSS22	4 1594;7209;19289;29903	CCTTCTCCAGGAATACAC;GGGCAI	2 1.3407544	1.2187794	0.9218305	0.9852763	0.9844921
TMEFF1	4 1605;7210;22106;63545	GCAGAAAGGCGAGCGGAGGGC;CGCC	2 1.3406467	1.2173303	0.922029	0.9844921	0.9844921
OR10K2	4 2297;7222;45996;52925	AGCAAATCTCAGAGCAAGAG;AGTCTI	2 1.3393568	1.1450401	0.9249781	0.9866433	0.9866433
STEAP3	4 5137;7227;38875;46204	GGCCCAAGTGACTTTCCAAG;GAAGC	2 1.33882	0.9960696	0.9261652	0.9869127	0.9869127
MAGIX	4 6663;7233;14102;24533	ATCAACGAGAGTCAACGCA;GCGAA	2 1.3381765	0.9537201	0.9275405	0.9873818	0.9873294
MESP1	4 4477;7243;10864;65931	GCCCCCTCCGTAGGTAGGCG;CACCC	2 1.3371052	1.0189206	0.9298118	0.9888029	0.9873294
MAP2K3	4 4769;7244;23498;44909	CCTGGACATCAACATGCGCA;CTACCG	2 1.3369982	1.007862	0.9300498	0.988061	0.9873294
ANKFY1	4 2134;7245;8946;65685	GCAGCCAGACTCATCCAGCG;TGACA	2 1.3368911	1.1583253	0.9302962	0.9873294	0.9873294
PDCC7	4 1100;7251;9450;29367	GCAGCCCCGAGCCTCCGCGG;GCCTI	2 1.3362494	1.2926867	0.9316787	0.9878039	0.9876743
TP53INP2	4 674;7256;24884;24964	CCAGCTCTCGTCCATCAAG;CCTCCI	2 1.3357151	1.3950256	0.9328845	0.9880904	0.9876743
NR0B1	4 121;7262;56029;63980	GCAGCGGTACAGGAGTGCCA;GCAGI	2 1.3350744	1.7627933	0.9342785	0.9885753	0.9876743
IGDCC3	4 2385;7263;28618;65337	CCAGCATATAGGCTGCCCG;CAGTAI	2 1.3349677	1.1354742	0.9347369	0.9880703	0.9876743
ING5	4 6415;7268;29626;74648	GGTGCAGAGTACATCTCCA;GATCTI	2 1.3344344	0.9577149	0.9359199	0.9883314	0.9876743
MMP9	4 3723;7271;12615;15952	GTACCGCTATGGTTACACTC;ATCCTAI	2 1.3341146	1.0505137	0.9366392	0.9881029	0.9876743
HGH1	4 726;7278;26905;45504	ACTGAGGTGGCTAGCGCGG;CCTGC	2 1.3333689	1.378172	0.9382089	0.988771	0.9876743
FBXL14	4 3235;7282;39213;55429	GGCTCAGGATCTGCACCCCG;GTAGE	2 1.3329432	1.0759729	0.9391382	0.9887636	0.9876743
OR5M9	4 3380;7285;48796;68034	TTTCATTGCCGTTGCCACG;ATAGAC	2 1.3326241	1.0676155	0.9398045	0.9884796	0.9876743
ETHE1	4 6163;7297;41922;46248	TTGATCAGCTGGGCATCCCG;GCTGA	2 1.3313492	0.9624745	0.9426922	0.9905304	0.9876743
BMP7	4 4342;7302;35326;53777	TACAGTCCAGCATGAACAT;GGACCTI	2 1.3308187	1.0211746	0.9438658	0.9907777	0.9876743
UGT2B11	4 6192;7305;43652;46227	ATATGTCATATAAATCCCA;TTGTGTAI	2 1.3305006	0.9613065	0.9445821	0.9905448	0.9876743
CAPN7	4 4755;7307;8405;24941	TTTACCATATACTTCCACA;TTATTAAC	2 1.3302886	1.0050151	0.9450498	0.9900522	0.9876743
KPTN	4 3827;7309;10324;39381	TCAACAAGTCAACCCCAAG;TCTGTI	2 1.3300767	1.0434674	0.9455187	0.9895616	0.9876743
PTPRT	4 3845;7321;15574;22543	GCGACTTCAGAACTCACGGA;CATCAI	2 1.3288065	1.0419789	0.9485675	0.9917696	0.9876743
C6orf211	4 5249;7324;12523;18155	TGTGATCTGCTCTCTCAGG;AACCTC	2 1.3284893	0.9872706	0.9492681	0.9915204	0.9876743
EEF2K	4 6189;7328;37030;44408	TGTGGTGTCTTTCAGCCCT;AGAAGA	2 1.3280666	0.9601663	0.9502214	0.9915353	0.9876743
CCL21	4 2606;7329;16480;50765	TGTCCACTCACAGGATAGCT;GTAGCT	2 1.327961	1.1147221	0.9504365	0.9907808	0.9876743
ZDHH18	4 5634;7330;60411;71298	GTACCAGCAGATCAGCCCG;CCGCG	2 1.3278554	0.9752055	0.9506686	0.9900635	0.9876743
ZNF107	4 5779;7331;38482;48077	AGGAGAAAATTCATACTGGA;GGTTAG	2 1.3277498	0.9710041	0.9509168	0.9893282	0.9876743
NOL3	4 1418;7334;16734;42740	GCTTGGGACTGGCAGCAGT;ACGCT	2 1.3274331	1.2359581	0.9516413	0.9891075	0.9876743
C19orf80	4 673;7335;18660;56475	GGTCTGTACACACCGTTGA;GCCCC	2 1.3273276	1.3911455	0.9519002	0.9884037	0.9876743
LILRB1	4 5807;7336;61703;64365	ATTTGTTCTGTATAAGGACG;TCCCTCI	2 1.3272221	0.9699554	0.9519213	0.9876743	0.9876743
MEX3B	4 6625;7348;14862;71974	TGTTCTTATCCGGGAGGCG;CCACC;	2 1.3259572	0.9484886	0.9549646	0.9896395	0.9888879
CSPG5	4 6728;7350;45006;67825	TCTCTCCCTCAGTATCAGGG;GGACA	2 1.3257466	0.9460199	0.9554282	0.9891492	0.9888879
MID1IP1	4 1255;7353;7541;25034	CGTGAACAACATGGACCAGA;GATGT	2 1.3254308	1.2600256	0.9561122	0.9888879	0.9888879
POLR1E	4 3451;7366;42041;48017	CTACCTGGTGAAGTACCTG;GTAACI	2 1.3240643	1.0594704	0.9592193	0.9911307	0.9906323
WWC2	4 6628;7368;13671;19324	TCTTGGATCTTCTATCTGCG;AACCTC	2 1.3238543	0.9473676	0.9597151	0.9906737	0.9906323
KDEL2C	4 3011;7374;42352;65979	CTAAAGATCTCCGGTAAACA;GCTCCC	2 1.3232247	1.0846563	0.9613939	0.9914375	0.9906323
BPIFB3	4 7266;7378;9648;17612	CCAGCACACTGTCCACCAG;TGTGG	2 1.3228052	0.9330222	0.9623575	0.9914663	0.9906323
SPANXB1	4 5546;7382;17001;21376	TTGGCCTCGTTGGATTACA;GGACGI	2 1.3223861	0.9750597	0.9632702	0.991436	0.9906323
THOC7	4 279;7384;26728;51019	GAGATGGTGTGGAGATGAT;ACTCTC	2 1.3221766	1.5763168	0.963764	0.9909784	0.9906323
RNMTL1	4 3924;7389;42212;62320	GTAACGCCCAAGGAATAAT;TGAGCC	2 1.3216532	1.0347128	0.964948	0.9912306	0.9906323
PGLYRP1	4 7098;7393;16663;29013	GCTGCAGCCCATATGTGCC;GATACI	2 1.3212347	0.9356954	0.9659781	0.9913245	0.9906323
AQP2	4 5124;7397;20804;56821	TCTCCGAGCCGCTTCTACG;CGTGA	2 1.3208165	0.9874963	0.9669501	0.9913585	0.9906323
RABL3	4 808;7398;24687;61858	GTCAATTGGAAGCTTCAACA;ATGGAC	2 1.320712	1.3493288	0.9671798	0.9906323	0.9906323
C7orf55	4 3910;7411;20742;36547	GCTCCGTACCCGATGTGCA;CACAAI	2 1.3193549	1.0342109	0.9702993	0.9928644	0.9915643
CRAMP1L	4 2531;7425;12454;43584	GCCCAGGCGTGGTTGTCCG;AAGAA	2 1.3178963	1.1153535	0.9739397	0.9956247	0.9915643
PRSS46	4 3508;7426;35333;65270	GTAAGCGTTGAAGTACCC;GAAGCI	2 1.3177923	1.0532986	0.9741819	0.9949092	0.9915643
ATP5E	4 5867;7428;53006;59632	TTGCACAGTCTGGGAGTAT;GTAGCTT	2 1.3175842	0.9634721	0.9746393	0.9944146	0.9915643
ABTB1	4 3448;7429;17162;36907	CCAACATGCTGGACACCAA;GCTCTI	2 1.3174802	1.0563398	0.9748846	0.9937048	0.9915643
CXorf65	4 5465;7430;12942;24140	TTCATCTTCAACAACATGG;CGTTTTG	2 1.3173762	0.9749868	0.9751434	0.9930101	0.9915643
SFXN5	4 5151;7432;8360;42204	CAGTGACAAAGAGTGTGCGA;GGATA	2 1.3171683	0.9847838	0.9756122	0.9925304	0.9915643
GRIPAP1	4 5298;7443;9315;40388	GTTGACCAGGAATTACAGG;GGTGT	2 1.3160257	0.979481	0.9782515	0.9942576	0.9915643
SAPCD1	4 7105;7445;31131;56049	TTGGGCTGATACTACCCAA;GTTTGA	2 1.3158182	0.9328405	0.97871	0.993767	0.9915643
AKTIP	4 3619;7452;40142;41451	TGAAGAGAAGACATTAACAG;GATGGC	2 1.3150923	1.0462008	0.9803877	0.9945143	0.9915643
IGFBP4	4 6381;7464;51399;57841	CCAGCAGCAGGGCGGCCAG;GCCA	2 1.3138498	0.9482523	0.9832474	0.996458	0.9915643
ZSCAN23	4 4210;7466;68880;73927	CTGCATCTCTGCAGTCTGAA;ACTTGC	2 1.3136429	1.0180693	0.9837204	0.9959815	0.9915643
KRTAP10-4	5 4692;5904;18902;37319;4	CGCAGGTCACTGGGCAGCAG;TGGTI	2 1.311489	0.963559	0.984473	0.9948358	0.9915643
KRTAP10-1	5 3255;5904;15714;72014;7	TCACAGGTCACTCGGCAGCA;TGGTG	2 1.311489	1.0253109	0.984473	0.9948358	0.9915643
GSST2	5 468;6811;18011;24724;28	GTGATTCATCTTGACCGAA;CCCACC	2 1.2046546	1.3598017	0.9863867	0.9958168	0.9915643
WFDC10B	5 2444;7134;7892;25020;29	TCTGCATCCTCATCTTGCA;AGGACA	2 1.1706249	1.0072979	0.9871829	0.9956688	0.9915643
TBC1D3B	6 4834;6109;14857;24126;3	GGAATGCCCTGAACACCG;CCTCC	2 1.1466993	0.8513931	0.9877738	0.995278	0.9915643
CBWD1	6 190;6255;40229;49052;65	GCAACATAGTAAAGAGTAG;GAGTGC	2 1.1298873	1.4758793	0.988079	0.9937252	0.9915643
CBWD6	6 190;6255;9526;10491;14	GCAACATAGTAAAGAGTAG;GAGTGC	2 1.1298873	1.4758793	0.988079	0.9937252	0.9915643
TMSB15B	6 5937;6501;8693;35638;61	ACATGACTTACTTCCTTTG;CGGAAG	2 1.1026376	0.802013	0.9886424	0.9933457	0.9915643
OBP2A	6 2843;6540;15353;33495;5	GACCTGCTACGTGAACGCGCA;GTGAA	2 1.0984364	0.9120129	0.9877474	0.9915643	0.9915643
OBP2B	6 2843;6540;15353;33495;5	GACCTGCTACGTGAACGCGCA;GTGAA	2 1.0984364	0.9120129	0.9877474	0.9915643	0.9915643
MRPL2	8 4968;6246;15501;28909;3	GTGAAGATGAGGAAGTCTGG;CCACA	2 0.9357001	0.7094653	0.9932942	0.995179	0.995179
DES1	8 1860;6938;27819;29368;5	GGAATATTTGAAATTTCCCC;AGGGGA	2 0.8709162	0.8241132	0.9953129	0.9962563	0.9962563
SCAF1	8 3263;7446;8523;20574;22	GCAGCAAGAAGAAGAAG;TCGAT	2 0.829151	0.7107475	0.9969407	0.9969407	0.9969407