

Accession	Description	Anova	Anova.adj	MaxFC	Clusters	Means.C	Means.T1	Means.T2	Means.T3	Means.T4
O00233	26S proteaso	0.02	0.12	1.39	1	1.06	0.86	0.99	0.76	0.96
O00244	Copper trans	0.00	0.01	1.40	1	1.11	0.79	1.03	0.81	1.11
O43920	NADH dehydi	0.01	0.08	1.24	1	1.05	0.87	0.97	0.85	1.04
O60879	Protein diaph	0.04	0.17	1.22	1	1.03	1.09	1.00	0.95	1.16
O75208	Ubiquinone b	0.02	0.11	1.20	1	1.04	0.89	1.01	0.90	1.06
O75380	NADH dehydi	0.02	0.12	1.24	1	1.01	0.98	1.08	0.87	1.05
O75822	Eukaryotic tr:	0.00	0.02	1.31	1	1.00	0.92	1.05	0.86	1.13
P06280	Alpha-galact	0.00	0.02	1.23	1	1.09	0.89	0.97	0.89	1.05
P07108-5	Isoform 5 of /	0.02	0.11	1.37	1	1.01	0.88	0.99	0.75	1.03
P07602	Prosaposin O	0.02	0.11	1.40	1	1.07	0.76	0.90	0.86	1.02
P11441	Ubiquitin-like	0.02	0.13	1.25	1	1.11	0.89	0.89	0.90	0.96
P13674-1	prolyl 4-hydr	0.01	0.08	1.21	1	0.93	1.01	0.96	0.98	1.14
P29966	Myristoylate	0.02	0.11	1.52	1	1.05	0.77	1.10	0.80	1.17
P35237	Serpin B6 OS-	0.01	0.08	1.27	1	1.11	0.87	0.95	0.91	1.07
P49006	MARCKS-rela	0.02	0.11	1.53	1	1.06	0.83	1.04	0.85	1.27
P60903	Protein S100-	0.00	0.01	1.35	1	1.07	0.84	1.02	0.83	1.12
P62857	40S ribosom	0.00	0.05	1.25	1	0.99	0.87	0.91	0.80	0.87
P99999	cytochrome c	0.01	0.06	1.48	1	1.17	0.98	1.09	0.79	1.03
Q00688	peptidyl-prol	0.01	0.08	1.31	1	1.05	0.94	1.01	0.86	1.13
Q13303-3	Isoform 3 of \	0.03	0.15	1.20	1	1.03	0.96	1.04	0.92	1.11
Q14008	Cytoskeleton	0.00	0.01	1.25	1	0.98	0.87	1.00	0.82	1.03
Q15637	Splicing facto	0.03	0.14	1.28	1	1.09	0.98	0.96	0.96	1.22
Q16773	Kynurenine--	0.02	0.12	1.44	1	1.06	0.90	1.02	0.81	1.17
Q5T0N5-1	Formin-bindin	0.03	0.14	1.22	1	1.05	1.06	1.02	0.94	1.14
Q8N983	39S ribosom	0.04	0.16	1.38	1	0.89	1.04	1.18	0.85	1.04
Q8WW12	PEST proteol	0.00	0.01	1.58	1	1.08	0.76	1.06	0.69	1.06
Q8WY22	BRI3-binding	0.01	0.09	1.27	1	1.02	1.07	0.96	0.84	1.02
Q92945	Far upstream	0.00	0.02	1.27	1	1.06	0.85	0.89	0.83	0.98
Q96AE4	Far upstream	0.02	0.11	1.47	1	1.15	0.81	0.89	0.78	0.98
Q96BR5	Cytochrome c	0.03	0.15	1.21	1	1.03	0.95	0.98	0.91	1.10
Q99576	TSC22 domai	0.00	0.02	1.51	1	1.20	1.01	0.98	1.04	1.48
Q9BWS9	Chitinase dor	0.00	0.05	1.24	1	0.98	0.87	1.02	0.88	1.08
Q9HAV7	GrpE protein	0.02	0.11	1.23	1	1.03	1.03	1.10	0.93	1.14
Q9NP97	Dynein light c	0.00	0.00	1.33	1	1.05	0.86	0.99	0.81	1.08
Q9NZ45	CDGSH iron-s	0.01	0.07	1.21	1	1.06	1.11	1.10	1.03	1.25
Q9P0L2-1	Serine/threoi	0.02	0.12	1.32	1	1.01	0.89	1.04	1.00	1.17
Q9UHR5-1	SAP30-bindin	0.00	0.02	1.27	1	1.10	1.00	1.07	0.96	1.22
Q9Y3E2	BolA-like proi	0.02	0.11	1.41	1	1.22	0.89	1.02	0.87	1.19
O00273-2	Isoform DFF3	0.00	0.01	1.49	2	0.91	1.12	0.86	1.00	0.75
O00483	Cytochrome c	0.00	0.02	1.22	2	0.98	0.91	1.05	0.93	0.86
O00767	Acyl-CoA des	0.01	0.07	1.25	2	0.97	1.13	0.96	1.12	0.90
O15514	DNA-directec	0.03	0.14	1.25	2	0.99	1.12	1.04	1.09	0.90
O43818	U3 small nucl	0.00	0.02	1.26	2	0.97	1.10	0.96	1.15	0.91
O43933	Peroxisome b	0.00	0.01	1.22	2	1.05	1.02	0.96	1.10	0.90
O60216	Double-stran	0.00	0.01	1.30	2	0.97	1.16	0.90	1.07	0.89
O60814	Histone H2B	0.00	0.01	1.44	2	0.93	1.24	0.86	1.24	0.87
O75182-2	Isoform 2 of l	0.00	0.01	1.41	2	0.99	1.18	0.86	1.08	0.84
O75367	Core histone	0.03	0.15	1.29	2	0.98	1.10	0.97	1.18	0.92
O95490-1	Adhesion G p	0.03	0.14	1.21	2	0.98	1.08	0.92	1.04	0.89
O96000	NADH dehydi	0.01	0.08	1.23	2	0.94	1.16	1.02	1.09	0.96
P04920-1	Anion exchar	0.00	0.01	1.37	2	0.98	1.12	0.98	1.20	0.87
P07910-1	Heterogeneo	0.00	0.02	1.41	2	0.93	1.18	0.85	1.05	0.83
P07910-2	Isoform C1 of	0.00	0.02	1.29	2	0.94	1.03	0.88	1.06	0.82
P08247	Synaptophys	0.04	0.18	1.22	2	1.01	1.14	1.00	1.22	1.02
P08670	Vimentin [OS	0.00	0.05	1.22	2	0.93	1.08	0.98	1.14	0.97
P09601	heme oxygen	0.00	0.00	1.92	2	0.94	1.81	1.09	1.58	1.04
P0C0S5	Histone H2A.	0.03	0.15	1.28	2	0.90	1.16	0.95	1.12	0.90
P0C0S8	Histone H2A	0.03	0.16	1.64	2	0.99	1.44	0.87	1.34	0.96
P23246-1	splicing facto	0.00	0.03	1.28	2	0.97	1.03	0.89	1.08	0.85
P25912-1	Protein max	0.00	0.03	1.25	2	0.95	1.12	0.97	1.05	0.89
P27707	deoxycytidine	0.00	0.02	1.30	2	0.95	1.17	0.90	1.07	0.91
P31942	Heterogeneo	0.01	0.06	1.21	2	0.97	1.01	0.90	1.06	0.87
P33552	Cyclin-depen	0.00	0.04	1.24	2	1.01	1.17	0.96	1.11	0.94
P37268	Squalene syn	0.00	0.00	1.26	2	0.97	1.14	0.99	1.18	0.93
P40337	von Hippel-Li	0.04	0.18	1.32	2	1.05	1.11	0.91	1.08	0.84
P51610-1	Host cell fact	0.03	0.13	1.34	2	0.96	1.01	0.89	0.99	0.76
P51991	Heterogeneo	0.00	0.01	1.26	2	1.00	1.06	0.85	1.03	0.87
P54725-3	Isoform 3 of l	0.04	0.17	1.26	2	0.97	0.93	0.91	0.99	0.78

P55268	Laminin subu	0.00	0.03	1.36	2	1.00	1.17	0.88	1.12	0.86
P62805	histone H4 [C	0.00	0.01	1.55	2	0.90	1.39	0.92	1.39	0.94
P67809	Nuclease-sen	0.01	0.09	1.24	2	0.95	0.96	0.93	1.02	0.82
Q00059	Transcription	0.00	0.04	1.38	2	0.93	1.29	0.96	1.16	0.94
Q13111-1	Chromatin as	0.05	0.19	1.30	2	0.95	1.10	0.87	1.00	0.85
Q13151	Heterogeneo	0.00	0.01	1.23	2	0.97	1.11	0.90	1.08	0.90
Q13370	cGMP-inhibit	0.01	0.07	1.20	2	1.00	1.10	0.93	1.10	0.91
Q13686	DNA oxidativ	0.00	0.02	1.21	2	0.96	1.06	0.88	1.03	0.88
Q14186	Transcription	0.04	0.18	1.27	2	0.92	1.09	0.91	1.06	0.86
Q14689	Disco-interac	0.03	0.15	1.34	2	0.96	1.09	0.81	1.04	0.82
Q15493	Regucalcin O:	0.00	0.01	1.75	2	0.92	1.37	0.81	1.10	0.78
Q15628	Tumor necro:	0.00	0.03	1.21	2	0.96	1.09	0.93	1.12	0.94
Q32MZ4-4	Isoform 4 of I	0.01	0.07	1.33	2	0.91	1.04	0.87	1.10	0.83
Q3B726	DNA-directec	0.00	0.03	1.23	2	0.97	1.06	0.86	1.03	0.90
Q5EBL8	PDZ domain-r	0.01	0.08	1.32	2	0.93	1.12	0.90	1.06	0.85
Q5HY17	Metaxin-3 OS	0.00	0.00	1.30	2	0.95	1.17	0.97	1.10	0.90
Q5JPI3	Uncharacteri:	0.00	0.02	1.27	2	0.97	0.95	0.92	0.98	0.77
Q5QJE6	Deoxynucleo:	0.05	0.19	1.22	2	0.96	1.05	0.91	1.11	1.00
Q5T447	E3 ubiquitin-j	0.01	0.06	1.21	2	0.99	1.00	1.00	1.09	0.90
Q6DCA0	AMMECR1-lil	0.04	0.18	1.24	2	0.88	1.02	1.06	1.09	0.90
Q6DKI1	60S ribosom:	0.04	0.17	1.21	2	0.91	1.06	0.91	1.09	0.94
Q6NUS6	Tectonic-3 O:	0.02	0.12	1.23	2	1.04	1.21	0.99	1.18	1.01
Q6P4I2	WD repeat-cr	0.01	0.07	1.22	2	1.02	1.15	0.94	1.11	0.98
Q6PI26	Protein SHQ1	0.00	0.05	1.32	2	1.00	1.14	0.86	1.09	0.93
Q6SPF0	Atherin OS=F	0.00	0.05	1.32	2	0.98	1.02	1.02	1.14	0.86
Q71F23	Centromere p	0.00	0.02	1.40	2	0.93	1.11	0.79	1.00	0.85
Q7Z309	Protein FAM:	0.00	0.02	1.35	2	0.92	1.03	0.89	0.99	0.76
Q8IUI8	Cytokine rece	0.00	0.01	1.26	2	0.98	1.08	0.89	1.01	0.85
Q8IVB5	LIX1-like prot	0.04	0.17	1.28	2	0.97	0.93	0.86	0.97	0.76
Q8IWA0	WD repeat-cr	0.00	0.02	1.22	2	0.96	1.13	0.95	1.16	1.01
Q8IWL3	Iron-sulfur cl	0.04	0.18	1.37	2	0.93	1.19	0.90	1.10	0.87
Q8N2G8	GH3 domain-	0.00	0.05	1.25	2	0.89	0.97	0.87	0.93	0.78
Q8N3Z3-1	GTP-binding j	0.02	0.10	1.23	2	0.92	0.93	0.91	0.98	0.79
Q8N5N7	39S ribosom:	0.00	0.05	1.39	2	0.91	1.10	0.87	1.04	0.79
Q8N8A6	ATP-depende	0.01	0.07	1.29	2	0.98	1.03	0.87	1.08	0.84
Q8NFG4	Folliculin OS=	0.00	0.02	1.30	2	1.04	1.15	0.94	1.12	0.88
Q8TED0	U3 small nucl	0.03	0.14	1.21	2	0.97	1.09	0.93	1.12	0.99
Q8WU76-1	Sec1 family d	0.03	0.15	1.42	2	0.86	0.91	0.83	1.05	0.74
Q8WVB6	Chromosome	0.00	0.01	1.45	2	1.02	1.17	0.81	1.04	0.82
Q92673	Sortilin-relate	0.00	0.05	1.30	2	0.88	1.12	1.01	1.05	0.87
Q969X6	U3 small nucl	0.04	0.18	1.21	2	0.91	1.04	0.96	1.11	1.02
Q96D15	Reticulocalbi	0.00	0.00	2.02	2	1.00	1.45	0.76	1.09	0.72
Q96FX8	p53 apoptosi	0.01	0.08	1.33	2	0.97	0.99	0.98	1.02	0.77
Q96G21	U3 small nucl	0.01	0.06	1.21	2	0.95	1.01	0.93	1.02	0.85
Q96JA3	Pleckstrin hor	0.00	0.02	1.43	2	1.18	1.09	0.89	1.27	0.99
Q96ME7	Zinc finger pr	0.01	0.09	1.24	2	0.98	0.96	0.85	1.05	0.84
Q96T23	remodeling a	0.05	0.18	1.23	2	0.91	1.07	1.07	1.11	0.98
Q99666	RANBP2-like	0.00	0.00	1.38	2	0.98	1.18	0.95	1.14	0.86
Q9BRA2	Thioredoxin c	0.01	0.09	1.21	2	1.06	1.00	1.03	1.01	0.88
Q9BRU9	rRNA-process	0.03	0.14	1.34	2	0.94	1.00	0.97	1.07	0.80
Q9BU64-1	centromere p	0.00	0.02	1.21	2	1.10	1.14	0.95	1.14	0.95
Q9BUR4	Telomerase C	0.00	0.05	1.23	2	0.94	1.05	0.93	1.03	0.86
Q9BV73-1	Centrosome-	0.00	0.02	1.30	2	0.98	1.17	0.97	1.13	0.90
Q9BVI4	Nucleolar cor	0.00	0.01	1.24	2	0.97	1.03	0.91	1.09	0.88
Q9BX70	BTB/POZ don	0.03	0.16	1.29	2	1.08	1.00	1.12	1.15	0.89
Q9BY12	S phase cyclin	0.03	0.16	1.47	2	0.63	0.93	0.86	0.81	0.68
Q9BZX2	Uridine-cytid	0.00	0.00	1.26	2	0.99	1.08	0.94	1.09	0.87
Q9H0H0	integrator co	0.00	0.02	1.24	2	0.91	0.99	0.93	0.93	0.80
Q9H8M2	Bromodomai	0.01	0.06	1.64	2	0.80	1.19	0.75	1.15	0.72
Q9H981	Actin-related	0.00	0.03	1.21	2	1.07	1.15	0.97	1.13	0.95
Q9H9Q4-1	non-homolog	0.00	0.01	1.26	2	0.98	1.21	0.96	1.08	0.96
Q9HB09	Bcl-2-like pro	0.03	0.16	1.30	2	1.04	1.30	1.04	1.35	1.05
Q9HC52	Chromobox p	0.00	0.03	1.28	2	0.94	1.06	0.86	1.03	0.83
Q9NNX1	Tuftelin OS=F	0.00	0.03	1.54	2	0.96	1.09	0.92	1.16	0.76
Q9NP66	High mobility	0.04	0.18	1.39	2	1.00	1.01	0.87	1.13	0.81
Q9NQX7	Integral mem	0.01	0.07	1.44	2	0.78	1.12	0.87	1.10	0.82
Q9NSI2	Protein FAM:	0.00	0.00	1.22	2	0.96	1.04	0.93	1.06	0.86
Q9NV31	U3 small nucl	0.00	0.04	1.23	2	0.93	1.11	0.93	1.10	0.90
Q9NV92	NEDD4 famil	0.00	0.00	1.39	2	0.99	1.17	0.95	1.24	0.89

Q9NVK5-1	FGFR1 oncog	0.00	0.04	1.32	2	1.00	1.07	0.86	1.04	0.81
Q9NWT1	p21-activatec	0.00	0.01	1.32	2	0.98	1.14	0.91	1.07	0.86
Q9NZM5	Glioma tumo	0.05	0.19	1.31	2	0.91	0.96	0.92	1.10	0.84
Q9P0M9	39S ribosoma	0.00	0.04	1.31	2	0.99	0.95	0.95	0.92	0.76
Q9P2X0	Dolichol-pho	0.00	0.03	1.27	2	0.96	1.01	0.93	0.98	0.80
Q9UBN7-1	histone deac	0.03	0.14	1.20	2	1.05	1.12	0.98	1.13	0.94
Q9UGP4	LIM domain-t	0.03	0.14	1.21	2	1.02	1.05	0.97	1.04	0.87
Q9UHA3	Probable ribc	0.04	0.18	1.35	2	0.97	1.05	0.90	1.19	0.88
Q9UI30	Multifunctior	0.00	0.01	1.27	2	0.99	1.09	0.95	1.05	0.85
Q9UKD1	Glucocorticoi	0.00	0.02	1.32	2	1.04	1.06	1.05	1.16	0.87
Q9ULJ7	Ankyrin repe	0.03	0.15	1.21	2	0.98	1.08	0.93	1.12	0.97
Q9UNK0	Syntaxin-8 O	0.02	0.12	1.22	2	1.02	1.06	0.93	1.02	0.87
Q9UQ13	Leucine-rich	0.01	0.08	1.27	2	0.88	0.95	0.91	0.93	0.74
Q9Y2C4	Nuclease EXC	0.00	0.00	1.37	2	0.92	1.11	0.93	1.03	0.81
Q9Y3B1	PRELI domair	0.02	0.10	1.92	2	0.94	1.40	0.88	1.10	0.73
Q9Y3T6	R3H and coile	0.03	0.15	1.23	2	1.08	1.02	1.06	1.18	0.96
O14618	copper chape	0.00	0.00	1.24	3	1.01	0.91	1.13	0.96	1.03
O14647	Chromodom	0.03	0.13	1.29	3	1.02	0.79	1.01	0.88	0.97
O14957	cytochrome k	0.01	0.06	1.34	3	0.89	0.95	1.19	0.92	1.08
O15063	Uncharacteri	0.05	0.19	1.21	3	0.97	0.96	1.11	1.03	1.16
O15126-1	Secretory car	0.00	0.01	1.21	3	1.01	0.95	1.12	0.93	1.14
O15382	Branched-ch	0.00	0.01	1.21	3	0.99	0.89	1.07	0.89	1.02
O43633	Charged mult	0.00	0.00	1.25	3	1.00	0.87	1.02	0.88	1.09
O43708	maleylaceto	0.00	0.00	1.39	3	1.01	0.87	1.21	0.90	1.20
O43759-2	Isoform 1B of	0.00	0.02	1.23	3	0.98	0.86	1.06	0.93	1.00
O43826-1	Glucose-6-ph	0.01	0.06	1.27	3	0.95	0.84	1.06	0.92	1.00
O43852-4	Isoform 4 of	0.00	0.00	1.71	3	1.07	0.94	1.30	0.99	1.61
O60573	Eukaryotic tr	0.01	0.07	1.24	3	0.99	0.96	1.12	0.91	1.11
O60890	Oligophrenin	0.00	0.02	1.36	3	1.03	0.84	1.05	0.88	1.15
O75391	Sperm-associ	0.00	0.01	1.26	3	1.00	0.86	1.04	0.91	1.08
O94811	Tubulin polyr	0.00	0.03	1.21	3	1.06	0.88	0.99	0.91	0.98
O95218	Zinc finger R	0.00	0.01	1.36	3	1.01	0.89	1.10	0.95	1.22
O95716	ras-related p	0.00	0.02	1.26	3	1.02	0.97	1.09	0.92	1.16
O96033	Molybdopter	0.02	0.11	1.21	3	1.05	0.93	1.05	1.00	1.13
P00505	Aspartate am	0.05	0.19	1.22	3	1.05	0.90	1.11	0.91	1.02
P01116	GTPase KRas	0.03	0.14	1.28	3	1.04	0.86	1.10	0.97	1.07
P04080	Cystatin-B [O	0.01	0.07	1.36	3	1.00	0.79	0.97	0.85	1.07
P05166	Propionyl-Co	0.00	0.01	1.20	3	0.99	0.89	1.06	0.91	1.03
P07311	Acylphosphai	0.00	0.02	1.59	3	1.00	0.64	1.02	0.77	0.98
P07339	Cathepsin D [	0.02	0.11	1.27	3	1.04	0.82	0.98	0.95	0.99
P07858	Cathepsin B C	0.00	0.02	1.28	3	1.09	0.85	1.05	0.91	1.09
P08648	Integrin alph	0.01	0.09	1.23	3	1.02	0.88	1.08	0.95	1.04
P08962	CD63 antigen	0.00	0.02	1.23	3	0.94	0.79	0.97	0.89	0.90
P09488	Glutathione S	0.04	0.17	1.27	3	1.12	0.89	1.09	0.99	1.13
P10109	Adrenodoxin	0.01	0.08	1.22	3	1.04	0.86	1.05	1.00	1.00
P10599	Thioredoxin C	0.00	0.01	1.60	3	1.00	0.62	0.95	0.84	0.92
P11234	Ras-related p	0.00	0.05	1.33	3	1.03	0.96	1.22	0.99	1.27
P13473	Lysosome-as	0.01	0.08	1.38	3	1.15	0.85	1.17	0.95	1.17
P13640	metallothion	0.01	0.06	4.72	3	1.45	0.31	0.86	0.53	0.93
P15154-1	Ras-related C	0.00	0.04	1.23	3	1.04	0.93	1.15	0.97	1.12
P17900	Ganglioside C	0.01	0.09	1.73	3	1.19	0.69	0.91	0.80	1.01
P21397	Amine oxidas	0.00	0.02	1.21	3	0.98	0.92	1.00	1.00	1.10
P26583	High mobility	0.01	0.07	1.46	3	0.99	0.67	0.92	0.71	0.95
P29218	Inositol monc	0.01	0.08	1.26	3	1.05	0.85	1.05	0.92	1.07
P29373	Cellular retin	0.00	0.00	1.26	3	1.02	0.84	1.07	0.88	1.04
P30086	Phosphatidyl	0.01	0.07	1.28	3	1.02	0.81	1.02	0.93	1.03
P30740	Leukocyte ele	0.00	0.04	1.46	3	1.07	0.79	0.93	0.90	1.15
P31949	protein S100-	0.03	0.15	1.22	3	0.96	0.90	1.11	0.93	1.06
P32322	Pyrraline-5-c	0.00	0.01	1.20	3	0.99	0.84	1.01	0.87	0.93
P35580	Myosin-10 O	0.00	0.02	1.24	3	0.99	0.80	0.95	0.82	0.95
P35754	Glutaredoxin	0.02	0.11	1.29	3	1.12	0.90	1.11	0.97	1.17
P35813	Protein phosj	0.00	0.01	1.22	3	1.01	0.85	1.02	0.93	1.04
P37235	Hippocalcin-l	0.00	0.05	1.94	3	1.09	0.56	0.93	0.81	0.88
P40121	Macrophage-	0.02	0.10	1.21	3	1.02	0.98	1.12	1.02	1.19
P41236	Protein phosj	0.02	0.13	1.25	3	1.02	0.90	1.13	0.96	1.08
P42025	Beta-centract	0.02	0.11	1.20	3	1.00	0.92	1.09	0.96	1.10
P48509	CD151 antige	0.02	0.12	1.35	3	1.14	0.86	1.12	0.85	1.09
P49366	Deoxyhypusii	0.01	0.07	1.20	3	1.04	0.93	1.08	0.90	1.04
P51149	Ras-related p	0.02	0.11	1.26	3	1.01	0.90	1.11	0.88	1.03

P53985	Monocarboxylate	0.00	0.01	1.36	3	1.00	0.93	1.17	0.98	1.26
P54252	Ataxin-3 OS=	0.00	0.00	1.22	3	1.02	0.88	1.05	0.92	1.07
P55263	Adenosine kinase	0.01	0.10	1.20	3	0.99	0.94	1.13	0.99	1.04
P60059	Protein translocator	0.00	0.03	1.30	3	1.01	0.89	1.15	1.01	1.08
P60520	Gamma-aminobutyrate	0.00	0.02	1.22	3	1.02	0.91	1.06	0.98	1.11
P61026	ras-related protein	0.00	0.01	1.20	3	1.01	0.89	1.07	0.91	1.07
P61803	Dolichyl-diphosphate	0.00	0.04	1.27	3	1.09	0.86	1.09	1.01	1.02
P61916	NPC intracellular	0.04	0.16	1.98	3	1.22	0.62	0.97	0.79	0.97
P61927	60S ribosomal protein	0.05	0.18	1.23	3	1.01	0.82	1.00	0.96	0.98
P61956	small ubiquitin-like	0.00	0.02	1.32	3	1.11	0.90	1.07	0.96	1.19
P62745	Rho-related GTPase	0.04	0.18	1.31	3	1.15	0.88	1.04	0.94	1.04
P62820	Ras-related protein	0.00	0.03	1.21	3	1.03	0.97	1.11	0.98	1.17
P62834	ras-related protein	0.00	0.02	1.60	3	1.08	0.82	1.25	0.79	1.26
P68402	Platelet-activating	0.03	0.15	1.29	3	1.07	0.99	1.22	1.01	1.28
P83876	thioredoxin-like	0.00	0.03	1.24	3	1.03	0.87	1.07	0.96	1.04
Q01469	Fatty acid-binding	0.02	0.11	1.26	3	0.97	0.94	1.19	0.98	1.12
Q04760	Lactoylglutathione	0.01	0.06	1.21	3	1.03	0.86	1.04	0.93	0.99
Q08722	Leukocyte surface	0.00	0.00	1.24	3	1.06	0.93	1.11	0.94	1.15
Q13011	Delta(3,5)-Desaturase	0.00	0.02	1.27	3	1.02	0.81	1.02	0.91	0.95
Q13123	Protein Red [	0.04	0.16	1.20	3	0.97	0.90	1.01	0.97	1.08
Q13162	Peroxiredoxin	0.00	0.04	1.50	3	1.10	0.74	0.93	0.85	0.99
Q13491-4	Isoform 4 of	0.01	0.10	1.23	3	1.02	0.88	1.08	0.89	1.01
Q13510	Acid ceramidase	0.00	0.03	1.26	3	1.01	0.83	1.02	0.94	1.05
Q13795	ADP-ribosyltransferase	0.01	0.06	1.24	3	0.98	0.90	1.05	0.94	1.12
Q15181	Inorganic pyrophosphatase	0.00	0.01	1.41	3	1.02	0.73	1.02	0.93	0.98
Q15208	Serine/threonine kinase	0.01	0.10	1.21	3	1.06	1.01	1.12	1.04	1.22
Q15274	nicotinate-nucleotide	0.00	0.00	1.40	3	1.02	0.79	1.10	0.83	1.04
Q16637	Survival motor neuron	0.00	0.01	1.20	3	1.00	0.91	1.08	0.96	1.10
Q3ZAQ7	Vacuolar ATPase	0.00	0.04	1.43	3	1.12	0.78	0.97	0.88	1.03
Q4VCS5	Angiomotin C	0.00	0.01	1.24	3	0.94	0.84	1.04	0.87	0.95
Q53EL6	Programmed cell death	0.00	0.00	1.26	3	1.01	0.84	1.06	0.84	1.01
Q5T2R2	Decaprenyl-diphosphate	0.03	0.14	2.08	3	1.14	0.60	1.24	0.97	1.06
Q6FIF0	AN1-type zinc finger	0.03	0.15	1.21	3	1.09	0.90	1.07	0.94	1.04
Q6JQN1	Acyl-CoA dehydrogenase	0.03	0.14	1.36	3	0.96	0.79	1.08	0.99	1.03
Q6P1N0	Coiled-coil domain	0.03	0.15	1.26	3	0.95	0.83	1.00	0.89	1.05
Q6P587-1	Acylpyruvase	0.01	0.10	1.29	3	1.02	0.79	1.01	0.89	1.02
Q6PI78	Transmembrane protein	0.00	0.02	1.26	3	0.98	0.92	1.08	1.01	1.16
Q6PID6	Tetratricopeptide	0.00	0.03	1.22	3	1.03	0.99	1.10	0.98	1.20
Q6UB99	Ankyrin repeat	0.03	0.15	1.30	3	0.90	0.95	1.07	0.97	1.17
Q6UW68	Transmembrane protein	0.00	0.03	1.27	3	1.04	0.89	1.12	0.97	1.13
Q6UXH1-5	Isoform 5 of	0.02	0.12	1.30	3	1.03	0.84	1.05	0.94	1.09
Q7L592	NADH dehydrogenase	0.00	0.00	1.24	3	0.99	0.85	1.05	0.88	1.01
Q7Z4V5	Hepatoma-derived	0.01	0.08	1.32	3	1.04	0.98	1.29	1.02	1.21
Q86V88	Magnesium-activated	0.03	0.14	1.27	3	1.03	0.94	1.19	0.97	1.09
Q86VM9	Zinc finger CCHC	0.00	0.03	1.38	3	0.93	0.86	1.18	0.86	1.06
Q86WA6	Valacyclovir	0.01	0.05	1.24	3	1.03	0.85	1.00	0.88	1.04
Q8IWB9	Testis-expressed	0.02	0.13	1.21	3	1.01	0.88	1.02	0.92	1.07
Q8IYS1	Peptidase M20	0.00	0.02	1.26	3	0.94	0.89	1.12	0.92	1.00
Q8N1G0	Zinc finger protein	0.04	0.18	1.22	3	0.98	0.86	1.03	0.91	1.05
Q8N2U0	Transmembrane protein	0.00	0.04	1.36	3	0.97	0.83	1.13	0.93	1.10
Q8ND24	RING finger protein	0.00	0.02	1.20	3	1.02	0.89	1.03	0.95	1.07
Q8NHP8	Putative phosphatase	0.01	0.07	1.21	3	1.08	0.90	0.98	0.92	1.07
Q8NI22	Multiple coiled-coil	0.01	0.06	1.42	3	0.93	0.89	1.27	0.99	1.26
Q8TBP6	Solute carrier	0.00	0.03	1.30	3	1.10	0.85	1.03	1.02	1.03
Q8TEA8	D-tyrosyl-tRNA	0.00	0.03	1.58	3	1.07	0.68	1.04	0.91	0.94
Q8WYN0	Cysteine protease	0.01	0.06	1.39	3	0.96	0.88	1.22	0.94	1.12
Q92551	Inositol hexakisphosphate	0.03	0.13	1.24	3	1.04	0.91	1.09	0.98	1.13
Q92820	Gamma-glutamyl	0.00	0.00	1.28	3	1.00	0.85	1.08	0.89	1.06
Q96A54	Adiponectin receptor	0.03	0.14	1.28	3	0.94	0.89	1.15	0.95	1.14
Q96AT9	Ribulose-phosphate	0.00	0.05	1.35	3	1.09	0.80	1.03	0.86	0.98
Q96BM9	ADP-ribosyltransferase	0.02	0.11	1.30	3	1.03	1.07	1.24	0.97	1.26
Q96C19	EF-hand domain	0.00	0.01	1.27	3	0.97	0.88	1.12	0.95	1.06
Q96C36	Pyrrroline-5-carboxylate	0.00	0.01	1.22	3	0.98	0.86	1.05	0.87	0.98
Q96CW6	Probable RNA polymerase	0.01	0.06	1.22	3	1.06	0.87	1.01	0.95	0.95
Q96DA6	mitochondrial	0.00	0.03	1.25	3	0.94	0.87	1.09	0.95	1.01
Q96DP5	Methionyl-tRNA	0.00	0.05	1.29	3	1.04	0.82	1.04	0.88	1.05
Q96MW1	Coiled-coil domain	0.00	0.01	1.21	3	1.06	0.94	1.04	1.02	1.14
Q99442	Translocator	0.01	0.08	1.24	3	1.02	0.92	1.06	0.92	1.14
Q99576-3	Isoform 2 of	0.00	0.03	1.23	3	1.03	0.88	1.09	0.94	1.09

Q99807-1	5-demethoxy	0.00	0.01	1.39	3	1.04	0.92	1.11	0.92	1.28
Q99816	Tumor suscep	0.00	0.00	1.20	3	1.01	0.90	1.08	0.92	1.08
Q99829	Copine-1 OS=	0.00	0.02	1.25	3	1.03	0.90	1.10	0.93	1.13
Q99856	AT-rich interc	0.00	0.04	1.23	3	1.05	0.93	1.12	0.95	1.15
Q9BUE0	Mediator of f	0.00	0.01	1.43	3	1.01	0.92	1.27	0.94	1.31
Q9BUL8	programmed	0.00	0.02	1.23	3	0.98	0.88	1.08	0.89	1.03
Q9BV79	Enoyl-[acyl-ci	0.00	0.01	1.28	3	0.99	0.88	1.13	0.92	1.09
Q9BWH2	FUN14 doma	0.00	0.02	1.21	3	1.09	0.99	1.20	1.00	1.17
Q9GZT9-1	Egl nine hom	0.00	0.03	1.28	3	1.02	0.80	0.96	0.88	1.03
Q9H063	repressor of f	0.00	0.04	1.20	3	1.00	0.92	1.09	1.05	1.10
Q9H0W9	Ester hydroly	0.00	0.00	1.60	3	1.10	0.72	1.14	0.91	1.12
Q9H3K2	Growth horrr	0.00	0.03	1.30	3	1.09	0.84	1.06	0.91	0.98
Q9H5H4	Zinc finger pr	0.00	0.01	1.24	3	1.01	0.82	0.99	0.87	0.98
Q9H6K1	Uncharacteri	0.04	0.17	1.27	3	0.76	0.75	0.89	0.95	0.86
Q9H7C9-1	Mth938 dom	0.00	0.01	1.29	3	1.06	0.89	1.15	0.96	1.13
Q9H920	RING finger p	0.02	0.12	1.42	3	0.79	0.85	1.12	1.02	1.01
Q9HBK9	Arsenite met	0.00	0.02	1.34	3	1.02	0.85	1.14	0.96	1.10
Q9NPJ3	Acyl-coenzym	0.00	0.01	1.29	3	0.97	0.86	1.08	0.91	1.10
Q9NUD5	Zinc finger CC	0.00	0.05	1.30	3	1.08	0.83	0.93	0.92	0.94
Q9NVE7	pantothenate	0.00	0.00	1.20	3	1.03	0.87	1.01	0.92	1.05
Q9NVJ2	ADP-ribosylat	0.03	0.16	1.22	3	1.01	0.92	1.13	0.94	1.10
Q9NZU5	LIM and cyste	0.00	0.03	1.20	3	0.95	0.86	1.03	0.89	0.99
Q9P2K2	Thioredoxin c	0.05	0.19	1.28	3	0.95	0.92	0.97	0.85	1.09
Q9UBI6	Guanine nucl	0.03	0.15	1.26	3	0.90	0.98	1.13	0.91	1.09
Q9UEG4	Zinc finger pr	0.05	0.19	1.23	3	1.06	0.86	0.94	0.89	1.06
Q9UKJ3-1	G patch dom	0.04	0.16	1.21	3	0.98	0.88	1.06	0.95	1.04
Q9Y232-1	Chromodom	0.00	0.01	1.57	3	1.08	0.84	1.22	0.90	1.32
Q9Y2Q3-1	Glutathione S	0.00	0.03	1.21	3	0.96	1.03	1.14	1.03	1.16
Q9Y3D6	Mitochondria	0.00	0.00	1.25	3	0.96	0.90	1.12	0.98	1.00
Q9Y467	sal-like prote	0.00	0.04	1.22	3	1.12	0.92	1.06	0.99	1.06
Q9Y4E5	E3 SUMO-prc	0.02	0.13	1.26	3	1.03	0.86	1.08	0.92	1.09
Q9Y6B6	GTP-binding j	0.00	0.01	1.22	3	0.99	0.86	1.04	0.90	1.03
O14657	Torsin-1B [O	0.03	0.15	1.36	4	1.11	1.43	1.05	1.26	1.26
O15392	Baculoviral IA	0.05	0.18	1.27	4	1.08	1.25	1.03	1.07	0.98
O43164	E3 ubiquitin-j	0.00	0.02	1.27	4	0.97	1.10	0.87	1.04	0.92
O43174	Cytochrome l	0.00	0.01	1.27	4	1.02	1.23	0.97	1.15	1.05
O43482	Protein Mis1i	0.00	0.00	1.30	4	0.97	1.24	0.95	1.02	0.96
O60318	Germinal-cer	0.02	0.12	1.21	4	0.94	1.13	0.94	1.07	0.96
O60869	Endothelial d	0.01	0.06	1.41	4	0.94	1.29	1.03	0.91	1.03
O75063	Glycosamino	0.00	0.02	1.41	4	1.06	1.32	0.93	1.08	1.04
O75150	E3 ubiquitin-j	0.00	0.04	1.22	4	1.01	1.21	0.99	1.06	1.03
O75386	Tubby-relate	0.03	0.16	1.38	4	0.98	1.22	0.88	1.02	1.08
O75676	Ribosomal pr	0.00	0.05	1.43	4	1.00	1.18	0.82	1.11	0.86
O75915	PRA1 family p	0.01	0.09	1.21	4	1.03	1.12	0.98	1.00	0.93
O94889	Kelch-like prc	0.01	0.07	1.39	4	0.95	1.22	0.96	1.11	0.88
O95140	Mitofusin-2 C	0.00	0.02	1.22	4	1.00	1.15	0.94	1.08	0.94
O95685	Protein phosj	0.01	0.06	1.32	4	1.06	1.25	1.05	1.14	0.94
P00488	Coagulation f	0.03	0.14	1.68	4	1.17	1.53	0.91	1.14	1.11
P00734	Prothrombin	0.00	0.01	1.81	4	0.99	1.52	0.84	1.13	0.93
P00747	Plasminogen	0.00	0.02	1.90	4	1.00	1.53	0.80	1.07	0.92
P01008	Antithrombin	0.01	0.06	1.73	4	1.05	1.48	0.85	1.09	1.01
P01023	Alpha-2-macu	0.00	0.02	1.84	4	1.02	1.49	0.81	1.06	0.84
P01024	Complement	0.00	0.02	1.79	4	1.02	1.50	0.84	1.09	0.89
P01033	Metalloprote	0.01	0.09	1.34	4	0.94	1.13	0.84	0.96	0.90
P02042	Hemoglobin :	0.00	0.03	1.44	4	0.97	1.21	0.92	1.17	0.84
P02452	Collagen alph	0.01	0.08	2.22	4	1.10	1.78	0.80	1.05	1.04
P02461	Collagen alph	0.00	0.03	1.72	4	0.98	1.51	0.88	1.10	0.89
P02649	Apolipoprote	0.02	0.12	1.52	4	1.00	1.38	0.91	1.03	0.94
P02656	Apolipoprote	0.00	0.02	1.60	4	0.99	1.40	0.87	1.36	0.97
P02748	complement	0.00	0.01	2.07	4	0.99	1.61	0.78	1.15	0.79
P02751	fibronectin [C	0.00	0.02	1.56	4	1.01	1.36	0.87	1.04	0.87
P02753	Retinol-bindii	0.00	0.04	1.75	4	1.07	1.47	0.84	1.08	0.93
P02768	Serum album	0.00	0.03	2.33	4	1.16	1.66	0.71	1.13	0.84
P02771	Alpha-fetopri	0.00	0.02	1.90	4	1.04	1.58	0.83	1.15	0.91
P02787	Serotransferr	0.00	0.04	1.91	4	0.97	1.53	0.80	1.07	0.85
P02788	Lactotransfer	0.01	0.06	1.86	4	1.21	1.47	0.79	1.00	0.87
P04004	Vitronectin [C	0.00	0.01	1.57	4	1.01	1.48	0.94	1.16	0.99
P04114	apolipoprote	0.00	0.00	1.78	4	1.03	1.50	0.84	1.22	0.88
P04278-1	Sex hormone	0.00	0.05	1.89	4	1.05	1.60	0.84	1.09	0.98

P04745	Alpha-amylase	0.02	0.12	1.88	4	0.99	1.50	0.80	1.08	0.89
P05156	Complement	0.00	0.02	1.92	4	1.11	1.39	0.72	1.01	0.83
P05452	Tetranectin C	0.00	0.05	1.79	4	0.99	1.51	0.86	1.11	0.84
P05543	thyroxine-bin	0.01	0.07	1.59	4	1.00	1.48	0.93	1.04	0.98
P05546	Heparin cofactor II	0.01	0.09	2.35	4	1.24	1.85	0.79	1.19	0.82
P06396	Gelsolin OS=H	0.00	0.04	1.50	4	1.04	1.36	0.90	1.07	0.93
P07358	Complement	0.00	0.01	2.25	4	1.07	1.76	0.79	1.26	1.01
P07996	thrombospondin-1	0.00	0.03	1.84	4	1.05	1.47	0.80	1.07	0.88
P08123	Collagen alpha-1(I)	0.03	0.14	1.82	4	1.12	1.66	0.91	1.14	1.11
P09234	U1 small nuclear ribonucleoprotein A	0.02	0.11	1.42	4	1.06	1.30	0.91	1.10	1.07
P09486	SPARC OS=H	0.00	0.05	1.37	4	0.98	1.20	0.88	0.96	0.94
P0C0L4-1	Complement	0.00	0.00	1.77	4	1.01	1.52	0.86	1.09	0.88
P10643	Complement	0.00	0.05	1.94	4	0.96	1.52	0.78	1.01	0.85
P12109	Collagen alpha-1(I)	0.00	0.05	1.22	4	0.99	1.17	0.96	1.01	0.96
P12111	Collagen alpha-1(I)	0.05	0.19	1.32	4	1.00	1.27	0.97	1.11	0.99
P12259	Coagulation factor XIII	0.00	0.02	1.49	4	0.98	1.31	0.88	1.05	0.93
P13645	Keratin, type I	0.01	0.10	1.77	4	1.02	1.54	0.87	1.14	0.95
P13647	Keratin, type II	0.02	0.12	1.84	4	1.03	1.57	0.85	1.17	1.10
P14373	Zinc finger protein 1	0.02	0.11	1.22	4	0.87	1.05	0.91	0.94	0.87
P14927	Cytochrome c	0.04	0.18	1.53	4	0.88	1.31	1.11	1.12	1.34
P15169	Carboxypeptidase Y	0.01	0.07	1.71	4	1.00	1.43	0.84	1.21	0.97
P18440	Arylamine N-oxidase	0.01	0.07	1.26	4	1.04	1.20	0.96	1.09	0.99
P18615	Negative elongation factor 1	0.03	0.15	1.22	4	1.00	1.16	0.95	1.05	0.97
P19823	Inter-alpha-1(I) triplet	0.00	0.01	1.92	4	1.03	1.56	0.81	1.06	0.89
P19827	Inter-alpha-1(I) triplet	0.01	0.09	1.89	4	1.00	1.52	0.81	1.04	0.81
P20248	Cyclin-A2 [OS=H]	0.01	0.07	1.27	4	1.03	1.16	0.91	1.07	0.95
P20742	Pregnancy zone glycoprotein 1	0.00	0.02	1.79	4	0.99	1.57	0.88	1.14	0.89
P20908	Collagen alpha-1(I)	0.00	0.05	1.78	4	1.02	1.54	0.87	1.11	0.94
P23142	Fibulin-1 [OS=H]	0.00	0.03	1.64	4	0.99	1.41	0.86	1.11	0.88
P35443	Thrombospondin-1	0.00	0.01	1.79	4	1.02	1.46	0.82	1.12	0.87
P36955	Pigment epithelium-specific adhesion molecule	0.01	0.09	1.41	4	1.00	1.28	0.90	0.98	0.91
P40189	Interleukin-6	0.03	0.16	1.31	4	0.94	1.23	1.03	1.08	1.07
P42575-1	caspase-2 [OS=H]	0.01	0.07	1.27	4	1.01	1.15	0.91	1.15	0.98
P49747	Cartilage oligomeric matrix protein	0.00	0.02	2.00	4	1.02	1.56	0.78	1.09	0.83
P51530	DNA replication fork protein	0.00	0.05	1.24	4	0.97	1.14	0.93	1.05	0.94
P51884	Lumican OS=H	0.01	0.06	1.60	4	1.05	1.40	0.88	1.05	0.92
P62877	E3 ubiquitin-protein ligase complex	0.00	0.02	1.73	4	1.11	1.05	0.64	0.94	0.84
P62942	Peptidyl-prolyl 4-hydroxylase	0.01	0.10	1.25	4	1.00	1.12	0.93	1.03	0.90
P69905	Hemoglobin subunit beta	0.01	0.10	1.33	4	1.07	1.22	0.92	1.12	1.02
P82921	28S ribosomal protein L24	0.02	0.11	1.21	4	1.04	1.15	0.95	1.07	1.01
P98179	RNA-binding protein 1	0.01	0.08	1.30	4	0.98	1.14	0.87	1.11	0.90
Q02818	Nucleobindin 1	0.02	0.11	1.22	4	1.01	1.16	0.95	1.09	0.99
Q03692	Collagen alpha-1(I)	0.00	0.05	1.55	4	0.99	1.28	0.82	1.03	0.95
Q04756	Hepatocyte glycoprotein 2	0.01	0.10	1.60	4	1.07	1.47	0.92	1.09	1.06
Q05048	Cleavage stimulation factor	0.00	0.05	1.21	4	0.96	1.07	0.93	1.03	0.89
Q06033-1	Inter-alpha-1(I) triplet	0.00	0.01	2.06	4	0.99	1.55	0.75	1.09	0.82
Q06587	E3 ubiquitin-protein ligase complex	0.00	0.01	1.36	4	0.94	1.21	0.92	1.09	0.89
Q12805	EGF-containing fibulin type 1 domain containing protein 1	0.00	0.03	1.68	4	1.05	1.44	0.91	1.12	0.86
Q12834	cell division cycle 20	0.00	0.03	1.30	4	0.95	1.05	0.82	1.01	0.81
Q12860	Contactin-1 C	0.04	0.18	1.25	4	1.00	1.17	0.93	0.98	0.97
Q13243	Serine/arginine repeat domain containing protein 1	0.00	0.02	1.27	4	0.98	1.14	0.90	1.08	0.92
Q13501-1	sequestosome 1	0.00	0.01	1.27	4	1.01	1.14	0.90	1.08	0.96
Q14457	Beclin-1 OS=H	0.05	0.19	1.36	4	1.02	1.24	0.91	1.04	1.01
Q14554	Protein disulfide isomerase A6	0.01	0.05	1.21	4	0.91	1.03	0.87	0.88	1.05
Q147X3	N-alpha-acetyltransferase 1	0.02	0.10	1.22	4	0.94	1.13	0.92	1.05	0.93
Q14849-1	StAR-related lipid transfer domain containing protein 1	0.00	0.04	1.52	4	1.03	1.55	1.02	1.07	1.02
Q15058	Kinesin-like protein 1	0.01	0.10	1.23	4	1.04	1.13	0.93	1.00	0.96
Q15063	Periostin OS=H	0.00	0.04	1.76	4	1.02	1.52	0.86	1.14	0.92
Q15233	Non-POU domain containing protein 1	0.00	0.03	1.21	4	0.94	1.02	0.87	1.00	0.85
Q15582	Transforming growth factor beta-1	0.00	0.02	1.80	4	1.05	1.46	0.81	1.08	0.93
Q15650	Activating transcription factor 1	0.05	0.19	1.21	4	1.08	1.20	0.99	1.08	1.07
Q15831	Serine/threonine phosphatase 1	0.00	0.01	1.33	4	0.97	1.21	0.92	1.02	0.96
Q15836	Vesicle-associated membrane protein 3	0.04	0.17	1.27	4	1.00	1.23	0.97	1.03	1.04
Q562R1	Beta-actin-like domain containing protein 1	0.00	0.01	1.25	4	0.94	1.17	0.98	1.18	0.98
Q58FF7	Putative heat shock protein 70	0.01	0.09	1.31	4	1.05	1.18	0.92	1.01	0.90
Q5J8M3	ER membrane protein 1	0.02	0.13	1.22	4	0.94	1.05	0.92	1.00	0.87
Q55QN1-1	Synaptosome-associated protein 2	0.00	0.04	1.23	4	1.00	1.15	0.96	1.05	0.93
Q5VSG8-1	Glycoprotein 2	0.02	0.10	1.29	4	1.08	1.16	0.94	1.09	0.90
Q66GS9	Centrosomal protein of 97 kDa	0.00	0.04	1.25	4	0.92	1.08	0.90	0.97	0.87

Q68CL5-5	Isoform 5 of	0.00	0.02	1.51	4	0.99	1.27	0.84	1.11	0.99
Q69YQ0-1	Cytospin-A [C	0.01	0.10	1.23	4	1.00	1.12	0.91	1.00	0.92
Q6NUN9	Zinc finger pr	0.02	0.11	1.36	4	1.01	1.25	0.92	1.03	0.99
Q7L3T8	probable pro	0.00	0.03	1.24	4	1.00	1.12	0.90	1.01	0.94
Q7Z6J8	E3 ubiquitin-γ	0.00	0.04	1.40	4	0.96	1.23	0.92	1.07	0.88
Q86UD1	Out at first pr	0.03	0.14	1.37	4	1.00	1.29	0.94	0.96	1.04
Q8IWA4	Mitofusin-1 C	0.00	0.01	1.22	4	1.02	1.19	0.98	1.13	1.00
Q8NCD3	Holliday junci	0.00	0.03	1.44	4	0.92	1.22	0.87	1.04	0.84
Q8NFI3	Cytosolic end	0.00	0.03	1.24	4	0.98	1.22	0.99	1.05	1.01
Q8NFP9	Neurobeachii	0.04	0.18	1.26	4	1.04	1.22	1.00	1.05	0.97
Q8WVD5-1	RING finger p	0.03	0.15	1.28	4	1.07	1.29	1.01	1.21	1.06
Q8WV10	Small integra	0.02	0.11	1.34	4	0.98	1.23	0.92	1.10	1.10
Q8WVQ1	Soluble calci	0.02	0.12	1.27	4	1.05	1.22	0.96	1.10	1.00
Q8WXX5	dnaJ homoloγ	0.02	0.10	1.21	4	1.00	1.10	0.91	1.03	0.99
Q8WYA0	Intraflagellar	0.01	0.07	1.29	4	1.01	1.24	0.96	1.07	0.97
Q8WYQ5-1	Microprocess	0.01	0.09	1.21	4	0.99	1.12	0.93	1.06	0.92
Q92734-1	Protein TFG [	0.00	0.03	1.25	4	0.94	1.11	0.89	1.04	0.93
Q92997	segment pola	0.00	0.02	1.29	4	0.98	1.21	0.87	1.04	0.90
Q96CN9	GRIP and coil	0.01	0.09	1.29	4	0.94	1.07	0.91	1.01	0.83
Q96F63	Coiled-coil dc	0.01	0.08	1.39	4	1.00	1.22	0.88	1.05	0.92
Q96GQ5-1	RUS1 family γ	0.02	0.11	1.23	4	0.96	1.13	0.94	0.99	0.92
Q96HQ2-1	CDKN2AIP N-	0.01	0.05	1.29	4	0.93	1.14	0.93	1.05	0.88
Q96I51	RCC1-like G e	0.00	0.01	1.24	4	0.96	1.06	0.89	0.95	0.86
Q96IY1	Kinetochore-	0.00	0.03	1.28	4	1.06	1.18	0.92	1.00	0.97
Q96J42	Thioredoxin c	0.03	0.14	1.25	4	0.92	1.09	0.88	1.04	0.88
Q96R06	Sperm-associ	0.01	0.09	1.28	4	1.03	1.17	0.91	1.02	0.96
Q96SZ6	CDK5 regulat	0.01	0.06	1.22	4	0.95	1.12	0.92	1.08	1.01
Q99435-1	Protein kinas	0.00	0.00	1.62	4	1.00	1.38	0.86	1.17	0.85
Q99719	Septin-5 OS=	0.00	0.02	1.72	4	1.00	1.40	0.81	1.04	0.88
Q9BRJ6	Uncharacteri	0.05	0.19	1.24	4	0.90	1.02	0.88	0.90	0.83
Q9BVV7	Mitochondria	0.05	0.19	1.31	4	1.00	1.24	0.95	1.05	1.02
Q9BW72	HIG1 domain	0.00	0.01	1.77	4	1.10	1.73	1.12	1.09	0.98
Q9BZP6	Acidic mamr	0.04	0.17	1.43	4	1.04	1.11	0.77	0.95	0.81
Q9H4B7	tubulin beta-	0.01	0.06	1.50	4	0.93	1.36	0.90	1.16	1.01
Q9HC07	Transmembr.	0.00	0.01	1.25	4	1.00	1.24	0.99	1.17	1.09
Q9NP58	ATP-binding t	0.03	0.16	1.26	4	1.04	1.22	0.97	1.05	0.97
Q9NQ89	protein C12o	0.02	0.12	1.22	4	0.94	1.15	0.95	1.06	1.03
Q9NS73	MAP3K12-bir	0.03	0.14	1.23	4	1.06	1.24	1.02	1.00	1.08
Q9NW81	ATP synthase	0.01	0.07	1.26	4	0.93	1.15	0.92	0.95	0.92
Q9NXX8	F-box/LRR-re	0.03	0.15	1.24	4	1.09	1.26	1.02	1.11	1.06
Q9NYF8-1	Bcl-2-associ	0.00	0.03	1.21	4	0.99	1.12	0.93	1.07	0.94
Q9NYF8-3	Isoform 3 of l	0.05	0.19	1.25	4	0.89	1.03	0.85	0.94	0.83
Q9NZI7	Upstream-bir	0.02	0.11	1.25	4	0.98	1.15	0.92	1.04	1.00
Q9NZJ4-1	Sacsin [OS=H	0.05	0.19	1.26	4	1.05	1.22	0.97	1.07	1.04
Q9NZZ3	Charged mult	0.00	0.04	1.24	4	1.01	1.12	0.91	1.01	0.95
Q9P003	Protein corni	0.01	0.08	1.27	4	1.05	1.25	0.99	1.09	1.07
Q9P2J9	[Pyruvate del	0.05	0.19	1.33	4	0.91	1.21	1.02	1.05	0.96
Q9P2L0-1	WD repeat-cr	0.00	0.02	1.23	4	0.97	1.13	0.92	1.07	0.93
Q9UFC0	Leucine-rich	0.00	0.03	1.32	4	0.97	1.16	0.92	1.01	0.88
Q9UFG5	UPF0449 pro	0.01	0.09	1.56	4	0.92	1.39	0.89	1.19	0.91
Q9UJA3	DNA helicase	0.03	0.14	1.49	4	1.04	1.32	0.89	1.17	0.99
Q9UK97	F-box only pr	0.02	0.10	1.24	4	1.02	1.24	1.00	1.20	1.02
Q9UK99	F-box only pr	0.00	0.03	1.51	4	0.95	1.28	0.87	1.09	0.85
Q9UQL6-3	Isoform 3 of l	0.04	0.17	1.26	4	0.98	1.23	0.99	1.02	1.03
Q9Y2G8	DnaJ homolo	0.04	0.18	1.46	4	0.95	1.21	0.88	1.01	0.83
Q9Y2W1	Thyroid horr	0.00	0.03	1.26	4	0.98	1.12	0.89	1.02	0.97
Q9Y2W6	tudor and KH	0.04	0.17	1.20	4	1.03	1.20	1.02	1.09	0.99
Q9Y3D0	Mitotic spind	0.02	0.12	1.28	4	1.01	1.15	0.95	1.08	0.90
Q9Y3D8	Adenylate kir	0.04	0.16	1.30	4	0.96	1.24	1.00	1.03	1.01
Q9Y605	MORF4 famil	0.01	0.10	1.25	4	0.92	1.15	0.92	1.03	0.93

Accession	Description	Anova	Anova.adj	MaxFC	Clusters	Means.C	Means.T1	Means.T2	Means.T3	Means.T4
O00233	26S proteaso	0.02	0.12	1.39	1	1.06	0.86	0.99	0.76	0.96
O00244	Copper trans	0.00	0.01	1.40	1	1.11	0.79	1.03	0.81	1.11
O43920	NADH dehydi	0.01	0.08	1.24	1	1.05	0.87	0.97	0.85	1.04
O60879	Protein diaph	0.04	0.17	1.22	1	1.03	1.09	1.00	0.95	1.16
O75208	Ubiquinone b	0.02	0.11	1.20	1	1.04	0.89	1.01	0.90	1.06
O75380	NADH dehydi	0.02	0.12	1.24	1	1.01	0.98	1.08	0.87	1.05
O75822	Eukaryotic tr:	0.00	0.02	1.31	1	1.00	0.92	1.05	0.86	1.13
P06280	Alpha-galactc	0.00	0.02	1.23	1	1.09	0.89	0.97	0.89	1.05
P07108-5	Isoform 5 of /	0.02	0.11	1.37	1	1.01	0.88	0.99	0.75	1.03
P07602	Prosaposin O	0.02	0.11	1.40	1	1.07	0.76	0.90	0.86	1.02
P11441	Ubiquitin-like	0.02	0.13	1.25	1	1.11	0.89	0.89	0.90	0.96
P13674-1	prolyl 4-hydr	0.01	0.08	1.21	1	0.93	1.01	0.96	0.98	1.14
P29966	Myristoylatec	0.02	0.11	1.52	1	1.05	0.77	1.10	0.80	1.17
P35237	Serpin B6 OS:	0.01	0.08	1.27	1	1.11	0.87	0.95	0.91	1.07
P49006	MARCKS-rela	0.02	0.11	1.53	1	1.06	0.83	1.04	0.85	1.27
P60903	Protein S100-	0.00	0.01	1.35	1	1.07	0.84	1.02	0.83	1.12
P62857	40S ribosomz	0.00	0.05	1.25	1	0.99	0.87	0.91	0.80	0.87
P99999	cytochrome c	0.01	0.06	1.48	1	1.17	0.98	1.09	0.79	1.03
Q00688	peptidyl-proh	0.01	0.08	1.31	1	1.05	0.94	1.01	0.86	1.13
Q13303-3	Isoform 3 of \	0.03	0.15	1.20	1	1.03	0.96	1.04	0.92	1.11
Q14008	Cytoskeleton	0.00	0.01	1.25	1	0.98	0.87	1.00	0.82	1.03
Q15637	Splicing facto	0.03	0.14	1.28	1	1.09	0.98	0.96	0.96	1.22
Q16773	Kynurenine--	0.02	0.12	1.44	1	1.06	0.90	1.02	0.81	1.17
Q5TON5-1	Formin-bindin	0.03	0.14	1.22	1	1.05	1.06	1.02	0.94	1.14
Q8N983	39S ribosomz	0.04	0.16	1.38	1	0.89	1.04	1.18	0.85	1.04
Q8WW12	PEST proteoly	0.00	0.01	1.58	1	1.08	0.76	1.06	0.69	1.06
Q8WY22	BRI3-binding	0.01	0.09	1.27	1	1.02	1.07	0.96	0.84	1.02
Q92945	Far upstream	0.00	0.02	1.27	1	1.06	0.85	0.89	0.83	0.98
Q96AE4	Far upstream	0.02	0.11	1.47	1	1.15	0.81	0.89	0.78	0.98
Q96BR5	Cytochrome c	0.03	0.15	1.21	1	1.03	0.95	0.98	0.91	1.10
Q99576	TSC22 domai	0.00	0.02	1.51	1	1.20	1.01	0.98	1.04	1.48
Q9BWS9	Chitinase dor	0.00	0.05	1.24	1	0.98	0.87	1.02	0.88	1.08
Q9HAV7	GrpE protein	0.02	0.11	1.23	1	1.03	1.03	1.10	0.93	1.14
Q9NP97	Dynein light c	0.00	0.00	1.33	1	1.05	0.86	0.99	0.81	1.08
Q9NZ45	CDGSH iron-s	0.01	0.07	1.21	1	1.06	1.11	1.10	1.03	1.25
Q9POL2-1	Serine/threoi	0.02	0.12	1.32	1	1.01	0.89	1.04	1.00	1.17
Q9UHR5-1	SAP30-bindin	0.00	0.02	1.27	1	1.10	1.00	1.07	0.96	1.22
Q9Y3E2	Bola-like prot	0.02	0.11	1.41	1	1.22	0.89	1.02	0.87	1.19



Accession	Description	Anova	Anova.adj	MaxFC	Clusters	Means.C	Means.T1	Means.T2	Means.T3	Means.T4
O00273-2	Isoform DFF3	0.00	0.01	1.49	2	0.91	1.12	0.86	1.00	0.75
O00483	Cytochrome c	0.00	0.02	1.22	2	0.98	0.91	1.05	0.93	0.86
O00767	Acyl-CoA des	0.01	0.07	1.25	2	0.97	1.13	0.96	1.12	0.90
O15514	DNA-directec	0.03	0.14	1.25	2	0.99	1.12	1.04	1.09	0.90
O43818	U3 small nucl	0.00	0.02	1.26	2	0.97	1.10	0.96	1.15	0.91
O43933	Peroxisome t	0.00	0.01	1.22	2	1.05	1.02	0.96	1.10	0.90
O60216	Double-stran	0.00	0.01	1.30	2	0.97	1.16	0.90	1.07	0.89
O60814	Histone H2B 1	0.00	0.01	1.44	2	0.93	1.24	0.86	1.24	0.87
O75182-2	Isoform 2 of f	0.00	0.01	1.41	2	0.99	1.18	0.86	1.08	0.84
O75367	Core histone	0.03	0.15	1.29	2	0.98	1.10	0.97	1.18	0.92
O95490-1	Adhesion G p	0.03	0.14	1.21	2	0.98	1.08	0.92	1.04	0.89
O96000	NADH dehydi	0.01	0.08	1.23	2	0.94	1.16	1.02	1.09	0.96
P04920-1	Anion exchan	0.00	0.01	1.37	2	0.98	1.12	0.98	1.20	0.87
P07910-1	Heterogeneo	0.00	0.02	1.41	2	0.93	1.18	0.85	1.05	0.83
P07910-2	Isoform C1 of	0.00	0.02	1.29	2	0.94	1.03	0.88	1.06	0.82
P08247	Synaptophys	0.04	0.18	1.22	2	1.01	1.14	1.00	1.22	1.02
P08670	Vimentin [OS	0.00	0.05	1.22	2	0.93	1.08	0.98	1.14	0.97
P09601	heme oxygen	0.00	0.00	1.92	2	0.94	1.81	1.09	1.58	1.04
P0C0S5	Histone H2A..	0.03	0.15	1.28	2	0.90	1.16	0.95	1.12	0.90
P0C0S8	Histone H2A 1	0.03	0.16	1.64	2	0.99	1.44	0.87	1.34	0.96
P23246-1	splicing facto	0.00	0.03	1.28	2	0.97	1.03	0.89	1.08	0.85
P25912-1	Protein max [	0.00	0.03	1.25	2	0.95	1.12	0.97	1.05	0.89
P27707	deoxycytidine	0.00	0.02	1.30	2	0.95	1.17	0.90	1.07	0.91
P31942	Heterogeneo	0.01	0.06	1.21	2	0.97	1.01	0.90	1.06	0.87
P33552	Cyclin-depen	0.00	0.04	1.24	2	1.01	1.17	0.96	1.11	0.94
P37268	Squalene syn	0.00	0.00	1.26	2	0.97	1.14	0.99	1.18	0.93
P40337	von Hippel-Li	0.04	0.18	1.32	2	1.05	1.11	0.91	1.08	0.84
P51610-1	Host cell fact	0.03	0.13	1.34	2	0.96	1.01	0.89	0.99	0.76
P51991	Heterogeneo	0.00	0.01	1.26	2	1.00	1.06	0.85	1.03	0.87
P54725-3	Isoform 3 of l	0.04	0.17	1.26	2	0.97	0.93	0.91	0.99	0.78
P55268	Laminin subu	0.00	0.03	1.36	2	1.00	1.17	0.88	1.12	0.86
P62805	histone H4 [C	0.00	0.01	1.55	2	0.90	1.39	0.92	1.39	0.94
P67809	Nuclease-sen	0.01	0.09	1.24	2	0.95	0.96	0.93	1.02	0.82
Q00059	Transcription	0.00	0.04	1.38	2	0.93	1.29	0.96	1.16	0.94
Q13111-1	Chromatin as	0.05	0.19	1.30	2	0.95	1.10	0.87	1.00	0.85
Q13151	Heterogeneo	0.00	0.01	1.23	2	0.97	1.11	0.90	1.08	0.90
Q13370	cGMP-inhibit	0.01	0.07	1.20	2	1.00	1.10	0.93	1.10	0.91
Q13686	DNA oxidativ	0.00	0.02	1.21	2	0.96	1.06	0.88	1.03	0.88
Q14186	Transcription	0.04	0.18	1.27	2	0.92	1.09	0.91	1.06	0.86
Q14689	Disco-interac	0.03	0.15	1.34	2	0.96	1.09	0.81	1.04	0.82
Q15493	Regucalcin O'	0.00	0.01	1.75	2	0.92	1.37	0.81	1.10	0.78
Q15628	Tumor necro:	0.00	0.03	1.21	2	0.96	1.09	0.93	1.12	0.94
Q32MZ4-4	Isoform 4 of l	0.01	0.07	1.33	2	0.91	1.04	0.87	1.10	0.83
Q3B726	DNA-directec	0.00	0.03	1.23	2	0.97	1.06	0.86	1.03	0.90
Q5EBL8	PDZ domain-r	0.01	0.08	1.32	2	0.93	1.12	0.90	1.06	0.85
Q5HYI7	Metaxin-3 OS	0.00	0.00	1.30	2	0.95	1.17	0.97	1.10	0.90
Q5JPI3	Uncharacteri:	0.00	0.02	1.27	2	0.97	0.95	0.92	0.98	0.77
Q5QJE6	Deoxynucleo:	0.05	0.19	1.22	2	0.96	1.05	0.91	1.11	1.00
Q5T447	E3 ubiquitin-;	0.01	0.06	1.21	2	0.99	1.00	1.00	1.09	0.90
Q6DCA0	AMMECR1-li:	0.04	0.18	1.24	2	0.88	1.02	1.06	1.09	0.90
Q6DKI1	60S ribosom:	0.04	0.17	1.21	2	0.91	1.06	0.91	1.09	0.94
Q6NUS6	Tectonic-3 O:	0.02	0.12	1.23	2	1.04	1.21	0.99	1.18	1.01
Q6P4I2	WD repeat-cc	0.01	0.07	1.22	2	1.02	1.15	0.94	1.11	0.98
Q6PI26	Protein SHQ1	0.00	0.05	1.32	2	1.00	1.14	0.86	1.09	0.93
Q6SPF0	Atherin OS=H	0.00	0.05	1.32	2	0.98	1.02	1.02	1.14	0.86
Q71F23	Centromere ;	0.00	0.02	1.40	2	0.93	1.11	0.79	1.00	0.85
Q7Z309	Protein FAM:	0.00	0.02	1.35	2	0.92	1.03	0.89	0.99	0.76
Q8IUI8	Cytokine rece	0.00	0.01	1.26	2	0.98	1.08	0.89	1.01	0.85
Q8IVB5	LIX1-like prot	0.04	0.17	1.28	2	0.97	0.93	0.86	0.97	0.76
Q8IWA0	WD repeat-cc	0.00	0.02	1.22	2	0.96	1.13	0.95	1.16	1.01
Q8IWL3	Iron-sulfur cl	0.04	0.18	1.37	2	0.93	1.19	0.90	1.10	0.87
Q8N2G8	GH3 domain-	0.00	0.05	1.25	2	0.89	0.97	0.87	0.93	0.78
Q8N3Z3-1	GTP-binding ;	0.02	0.10	1.23	2	0.92	0.93	0.91	0.98	0.79
Q8N5N7	39S ribosom:	0.00	0.05	1.39	2	0.91	1.10	0.87	1.04	0.79
Q8N8A6	ATP-depende	0.01	0.07	1.29	2	0.98	1.03	0.87	1.08	0.84
Q8NFG4	Folliculin OS=	0.00	0.02	1.30	2	1.04	1.15	0.94	1.12	0.88
Q8TED0	U3 small nucl	0.03	0.14	1.21	2	0.97	1.09	0.93	1.12	0.99
Q8WU76-1	Sec1 family d	0.03	0.15	1.42	2	0.86	0.91	0.83	1.05	0.74
Q8WVB6	Chromosome	0.00	0.01	1.45	2	1.02	1.17	0.81	1.04	0.82
Q92673	Sortilin-relate	0.00	0.05	1.30	2	0.88	1.12	1.01	1.05	0.87
Q969X6	U3 small nucl	0.04	0.18	1.21	2	0.91	1.04	0.96	1.11	1.02
Q96D15	Reticulocalbir	0.00	0.00	2.02	2	1.00	1.45	0.76	1.09	0.72

Q96FX8	p53 apoptosi	0.01	0.08	1.33	2	0.97	0.99	0.98	1.02	0.77
Q96G21	U3 small nucl	0.01	0.06	1.21	2	0.95	1.01	0.93	1.02	0.85
Q96JA3	Pleckstrin ho	0.00	0.02	1.43	2	1.18	1.09	0.89	1.27	0.99
Q96ME7	Zinc finger pr	0.01	0.09	1.24	2	0.98	0.96	0.85	1.05	0.84
Q96T23	remodeling a	0.05	0.18	1.23	2	0.91	1.07	1.07	1.11	0.98
Q99666	RANBP2-like ;	0.00	0.00	1.38	2	0.98	1.18	0.95	1.14	0.86
Q9BRA2	Thioredoxin c	0.01	0.09	1.21	2	1.06	1.00	1.03	1.01	0.88
Q9BRU9	rRNA-process	0.03	0.14	1.34	2	0.94	1.00	0.97	1.07	0.80
Q9BU64-1	centromere p	0.00	0.02	1.21	2	1.10	1.14	0.95	1.14	0.95
Q9BUR4	Telomerase C	0.00	0.05	1.23	2	0.94	1.05	0.93	1.03	0.86
Q9BV73-1	Centrosome-	0.00	0.02	1.30	2	0.98	1.17	0.97	1.13	0.90
Q9BVI4	Nucleolar cor	0.00	0.01	1.24	2	0.97	1.03	0.91	1.09	0.88
Q9BX70	BTB/POZ don	0.03	0.16	1.29	2	1.08	1.00	1.12	1.15	0.89
Q9BY12	S phase cyclin	0.03	0.16	1.47	2	0.63	0.93	0.86	0.81	0.68
Q9BZX2	Uridine-cytidi	0.00	0.00	1.26	2	0.99	1.08	0.94	1.09	0.87
Q9H0H0	integrator coi	0.00	0.02	1.24	2	0.91	0.99	0.93	0.93	0.80
Q9H8M2	Bromodomai	0.01	0.06	1.64	2	0.80	1.19	0.75	1.15	0.72
Q9H981	Actin-related	0.00	0.03	1.21	2	1.07	1.15	0.97	1.13	0.95
Q9H9Q4-1	non-homolog	0.00	0.01	1.26	2	0.98	1.21	0.96	1.08	0.96
Q9HB09	Bcl-2-like pro	0.03	0.16	1.30	2	1.04	1.30	1.04	1.35	1.05
Q9HC52	Chromobox p	0.00	0.03	1.28	2	0.94	1.06	0.86	1.03	0.83
Q9NNX1	Tuftelin OS=H	0.00	0.03	1.54	2	0.96	1.09	0.92	1.16	0.76
Q9NP66	High mobility	0.04	0.18	1.39	2	1.00	1.01	0.87	1.13	0.81
Q9NQX7	Integral mem	0.01	0.07	1.44	2	0.78	1.12	0.87	1.10	0.82
Q9NSJ2	Protein FAM2	0.00	0.00	1.22	2	0.96	1.04	0.93	1.06	0.86
Q9NV31	U3 small nucl	0.00	0.04	1.23	2	0.93	1.11	0.93	1.10	0.90
Q9NV92	NEDD4 family	0.00	0.00	1.39	2	0.99	1.17	0.95	1.24	0.89
Q9NVK5-1	FGFR1 oncog	0.00	0.04	1.32	2	1.00	1.07	0.86	1.04	0.81
Q9NWT1	p21-activatec	0.00	0.01	1.32	2	0.98	1.14	0.91	1.07	0.86
Q9NZM5	Glioma tumo	0.05	0.19	1.31	2	0.91	0.96	0.92	1.10	0.84
Q9P0M9	39S ribosom	0.00	0.04	1.31	2	0.99	0.95	0.95	0.92	0.76
Q9P2X0	Dolichol-pho	0.00	0.03	1.27	2	0.96	1.01	0.93	0.98	0.80
Q9UBN7-1	histone deacc	0.03	0.14	1.20	2	1.05	1.12	0.98	1.13	0.94
Q9UGP4	LIM domain-c	0.03	0.14	1.21	2	1.02	1.05	0.97	1.04	0.87
Q9UHA3	Probable ribc	0.04	0.18	1.35	2	0.97	1.05	0.90	1.19	0.88
Q9UI30	Multifunctio	0.00	0.01	1.27	2	0.99	1.09	0.95	1.05	0.85
Q9UKD1	Glucocorticoi	0.00	0.02	1.32	2	1.04	1.06	1.05	1.16	0.87
Q9ULJ7	Ankyrin repe	0.03	0.15	1.21	2	0.98	1.08	0.93	1.12	0.97
Q9UNK0	Syntaxin-8 O	0.02	0.12	1.22	2	1.02	1.06	0.93	1.02	0.87
Q9UQ13	Leucine-rich r	0.01	0.08	1.27	2	0.88	0.95	0.91	0.93	0.74
Q9Y2C4	Nuclease EXC	0.00	0.00	1.37	2	0.92	1.11	0.93	1.03	0.81
Q9Y3B1	PRELI domair	0.02	0.10	1.92	2	0.94	1.40	0.88	1.10	0.73
Q9Y3T6	R3H and coile	0.03	0.15	1.23	2	1.08	1.02	1.06	1.18	0.96

Accession	Description	Anova	Anova.adj	MaxFC	Clusters	Means.C	Means.T1	Means.T2	Means.T3	Means.T4
O14618	copper chape	0.00	0.00	1.24	3	1.01	0.91	1.13	0.96	1.03
O14647	Chromodom	0.03	0.13	1.29	3	1.02	0.79	1.01	0.88	0.97
O14957	cytochrome t	0.01	0.06	1.34	3	0.89	0.95	1.19	0.92	1.08
O15063	Uncharacteri	0.05	0.19	1.21	3	0.97	0.96	1.11	1.03	1.16
O15126-1	Secretory car	0.00	0.01	1.21	3	1.01	0.95	1.12	0.93	1.14
O15382	Branched-ch	0.00	0.01	1.21	3	0.99	0.89	1.07	0.89	1.02
O43633	Charged mult	0.00	0.00	1.25	3	1.00	0.87	1.02	0.88	1.09
O43708	maleylaceto	0.00	0.00	1.39	3	1.01	0.87	1.21	0.90	1.20
O43759-2	Isoform 1B of	0.00	0.02	1.23	3	0.98	0.86	1.06	0.93	1.00
O43826-1	Glucose-6-ph	0.01	0.06	1.27	3	0.95	0.84	1.06	0.92	1.00
O43852-4	Isoform 4 of (	0.00	0.00	1.71	3	1.07	0.94	1.30	0.99	1.61
O60573	Eukaryotic tr	0.01	0.07	1.24	3	0.99	0.96	1.12	0.91	1.11
O60890	Oligophrenin	0.00	0.02	1.36	3	1.03	0.84	1.05	0.88	1.15
O75391	Sperm-associ	0.00	0.01	1.26	3	1.00	0.86	1.04	0.91	1.08
O94811	Tubulin polyr	0.00	0.03	1.21	3	1.06	0.88	0.99	0.91	0.98
O95218	Zinc finger Ra	0.00	0.01	1.36	3	1.01	0.89	1.10	0.95	1.22
O95716	ras-related pr	0.00	0.02	1.26	3	1.02	0.97	1.09	0.92	1.16
O96033	Molybdopter	0.02	0.11	1.21	3	1.05	0.93	1.05	1.00	1.13
P00505	Aspartate am	0.05	0.19	1.22	3	1.05	0.90	1.11	0.91	1.02
P01116	GTPase KRas	0.03	0.14	1.28	3	1.04	0.86	1.10	0.97	1.07
P04080	Cystatin-B [O	0.01	0.07	1.36	3	1.00	0.79	0.97	0.85	1.07
P05166	Propionyl-Co	0.00	0.01	1.20	3	0.99	0.89	1.06	0.91	1.03
P07311	Acylphosphat	0.00	0.02	1.59	3	1.00	0.64	1.02	0.77	0.98
P07339	Cathepsin D [	0.02	0.11	1.27	3	1.04	0.82	0.98	0.95	0.99
P07858	Cathepsin B C	0.00	0.02	1.28	3	1.09	0.85	1.05	0.91	1.09
P08648	Integrin alph	0.01	0.09	1.23	3	1.02	0.88	1.08	0.95	1.04
P08962	CD63 antigen	0.00	0.02	1.23	3	0.94	0.79	0.97	0.89	0.90
P09488	Glutathione S	0.04	0.17	1.27	3	1.12	0.89	1.09	0.99	1.13
P10109	Adrenodoxin,	0.01	0.08	1.22	3	1.04	0.86	1.05	1.00	1.00
P10599	Thioredoxin C	0.00	0.01	1.60	3	1.00	0.62	0.95	0.84	0.92
P11234	Ras-related p	0.00	0.05	1.33	3	1.03	0.96	1.22	0.99	1.27
P13473	Lysosome-as	0.01	0.08	1.38	3	1.15	0.85	1.17	0.95	1.17
P13640	metallothioni	0.01	0.06	4.72	3	1.45	0.31	0.86	0.53	0.93
P15154-1	Ras-related C	0.00	0.04	1.23	3	1.04	0.93	1.15	0.97	1.12
P17900	Ganglioside C	0.01	0.09	1.73	3	1.19	0.69	0.91	0.80	1.01
P21397	Amine oxidas	0.00	0.02	1.21	3	0.98	0.92	1.00	1.00	1.10
P26583	High mobility	0.01	0.07	1.46	3	0.99	0.67	0.92	0.71	0.95
P29218	Inositol monc	0.01	0.08	1.26	3	1.05	0.85	1.05	0.92	1.07
P29373	Cellular retin	0.00	0.00	1.26	3	1.02	0.84	1.07	0.88	1.04
P30086	Phosphatidyl	0.01	0.07	1.28	3	1.02	0.81	1.02	0.93	1.03
P30740	Leukocyte el	0.00	0.04	1.46	3	1.07	0.79	0.93	0.90	1.15
P31949	protein S100-	0.03	0.15	1.22	3	0.96	0.90	1.11	0.93	1.06
P32322	Pyrroline-5-c	0.00	0.01	1.20	3	0.99	0.84	1.01	0.87	0.93
P35580	Myosin-10 O'	0.00	0.02	1.24	3	0.99	0.80	0.95	0.82	0.95
P35754	Glutaredoxin	0.02	0.11	1.29	3	1.12	0.90	1.11	0.97	1.17
P35813	Protein phosq	0.00	0.01	1.22	3	1.01	0.85	1.02	0.93	1.04
P37235	Hippocalcin-li	0.00	0.05	1.94	3	1.09	0.56	0.93	0.81	0.88
P40121	Macrophage-	0.02	0.10	1.21	3	1.02	0.98	1.12	1.02	1.19
P41236	Protein phosq	0.02	0.13	1.25	3	1.02	0.90	1.13	0.96	1.08
P42025	Beta-contract	0.02	0.11	1.20	3	1.00	0.92	1.09	0.96	1.10
P48509	CD151 antige	0.02	0.12	1.35	3	1.14	0.86	1.12	0.85	1.09
P49366	Deoxyhypusir	0.01	0.07	1.20	3	1.04	0.93	1.08	0.90	1.04
P51149	Ras-related p	0.02	0.11	1.26	3	1.01	0.90	1.11	0.88	1.03
P53985	Monocarboxy	0.00	0.01	1.36	3	1.00	0.93	1.17	0.98	1.26
P54252	Ataxin-3 OS=l	0.00	0.00	1.22	3	1.02	0.88	1.05	0.92	1.07
P55263	Adenosine kii	0.01	0.10	1.20	3	0.99	0.94	1.13	0.99	1.04
P60059	Protein trans	0.00	0.03	1.30	3	1.01	0.89	1.15	1.01	1.08
P60520	Gamma-amir	0.00	0.02	1.22	3	1.02	0.91	1.06	0.98	1.11
P61026	ras-related pr	0.00	0.01	1.20	3	1.01	0.89	1.07	0.91	1.07
P61803	Dolichyl-diph	0.00	0.04	1.27	3	1.09	0.86	1.09	1.01	1.02
P61916	NPC intracell	0.04	0.16	1.98	3	1.22	0.62	0.97	0.79	0.97
P61927	60S ribosoma	0.05	0.18	1.23	3	1.01	0.82	1.00	0.96	0.98
P61956	small ubiquiti	0.00	0.02	1.32	3	1.11	0.90	1.07	0.96	1.19
P62745	Rho-related C	0.04	0.18	1.31	3	1.15	0.88	1.04	0.94	1.04
P62820	Ras-related p	0.00	0.03	1.21	3	1.03	0.97	1.11	0.98	1.17
P62834	ras-related pr	0.00	0.02	1.60	3	1.08	0.82	1.25	0.79	1.26
P68402	Platelet-activ	0.03	0.15	1.29	3	1.07	0.99	1.22	1.01	1.28
P83876	thioredoxin-li	0.00	0.03	1.24	3	1.03	0.87	1.07	0.96	1.04
Q01469	Fatty acid-bir	0.02	0.11	1.26	3	0.97	0.94	1.19	0.98	1.12
Q04760	Lactoylglutat	0.01	0.06	1.21	3	1.03	0.86	1.04	0.93	0.99
Q08722	Leukocyte su	0.00	0.00	1.24	3	1.06	0.93	1.11	0.94	1.15
Q13011	Delta(3,5)-De	0.00	0.02	1.27	3	1.02	0.81	1.02	0.91	0.95

Q13123	Protein Red [	0.04	0.16	1.20	3	0.97	0.90	1.01	0.97	1.08
Q13162	Peroxioredoxir	0.00	0.04	1.50	3	1.10	0.74	0.93	0.85	0.99
Q13491-4	Isoform 4 of f	0.01	0.10	1.23	3	1.02	0.88	1.08	0.89	1.01
Q13510	Acid ceramid	0.00	0.03	1.26	3	1.01	0.83	1.02	0.94	1.05
Q13795	ADP-ribosylat	0.01	0.06	1.24	3	0.98	0.90	1.05	0.94	1.12
Q15181	Inorganic pyr	0.00	0.01	1.41	3	1.02	0.73	1.02	0.93	0.98
Q15208	Serine/threor	0.01	0.10	1.21	3	1.06	1.01	1.12	1.04	1.22
Q15274	nicotinate-nu	0.00	0.00	1.40	3	1.02	0.79	1.10	0.83	1.04
Q16637	Survival motc	0.00	0.01	1.20	3	1.00	0.91	1.08	0.96	1.10
Q3ZAQ7	Vacuolar ATP	0.00	0.04	1.43	3	1.12	0.78	0.97	0.88	1.03
Q4VCS5	Angiomotin C	0.00	0.01	1.24	3	0.94	0.84	1.04	0.87	0.95
Q53EL6	Programmed	0.00	0.00	1.26	3	1.01	0.84	1.06	0.84	1.01
Q5T2R2	Decaprenyl-d	0.03	0.14	2.08	3	1.14	0.60	1.24	0.97	1.06
Q6FIF0	AN1-type zini	0.03	0.15	1.21	3	1.09	0.90	1.07	0.94	1.04
Q6JQN1	Acyl-CoA deh	0.03	0.14	1.36	3	0.96	0.79	1.08	0.99	1.03
Q6P1N0	Coiled-coil an	0.03	0.15	1.26	3	0.95	0.83	1.00	0.89	1.05
Q6P587-1	Acylpyruvase	0.01	0.10	1.29	3	1.02	0.79	1.01	0.89	1.02
Q6PI78	Transmembr:	0.00	0.02	1.26	3	0.98	0.92	1.08	1.01	1.16
Q6PID6	Tetratricopep	0.00	0.03	1.22	3	1.03	0.99	1.10	0.98	1.20
Q6UB99	Ankyrin repe:	0.03	0.15	1.30	3	0.90	0.95	1.07	0.97	1.17
Q6UW68	Transmembr:	0.00	0.03	1.27	3	1.04	0.89	1.12	0.97	1.13
Q6UXH1-5	Isoform 5 of (	0.02	0.12	1.30	3	1.03	0.84	1.05	0.94	1.09
Q7L592	NADH dehydi	0.00	0.00	1.24	3	0.99	0.85	1.05	0.88	1.01
Q7Z4V5	Hepatoma-dc	0.01	0.08	1.32	3	1.04	0.98	1.29	1.02	1.21
Q86V88	Magnesium-c	0.03	0.14	1.27	3	1.03	0.94	1.19	0.97	1.09
Q86VM9	Zinc finger CC	0.00	0.03	1.38	3	0.93	0.86	1.18	0.86	1.06
Q86WA6	Valacyclovir t	0.01	0.05	1.24	3	1.03	0.85	1.00	0.88	1.04
Q8IWB9	Testis-expres	0.02	0.13	1.21	3	1.01	0.88	1.02	0.92	1.07
Q8IYS1	Peptidase Mz	0.00	0.02	1.26	3	0.94	0.89	1.12	0.92	1.00
Q8N1G0	Zinc finger pr	0.04	0.18	1.22	3	0.98	0.86	1.03	0.91	1.05
Q8N2U0	Transmembr:	0.00	0.04	1.36	3	0.97	0.83	1.13	0.93	1.10
Q8ND24	RING finger p	0.00	0.02	1.20	3	1.02	0.89	1.03	0.95	1.07
Q8NHP8	Putative phos	0.01	0.07	1.21	3	1.08	0.90	0.98	0.92	1.07
Q8NI22	Multiple coag	0.01	0.06	1.42	3	0.93	0.89	1.27	0.99	1.26
Q8TBP6	Solute carrier	0.00	0.03	1.30	3	1.10	0.85	1.03	1.02	1.03
Q8TEA8	D-tyrosyl-tRN	0.00	0.03	1.58	3	1.07	0.68	1.04	0.91	0.94
Q8WYN0	Cysteine prot	0.01	0.06	1.39	3	0.96	0.88	1.22	0.94	1.12
Q92551	Inositol hexal	0.03	0.13	1.24	3	1.04	0.91	1.09	0.98	1.13
Q92820	Gamma-gluta	0.00	0.00	1.28	3	1.00	0.85	1.08	0.89	1.06
Q96A54	Adiponectin r	0.03	0.14	1.28	3	0.94	0.89	1.15	0.95	1.14
Q96AT9	Ribulose-pho	0.00	0.05	1.35	3	1.09	0.80	1.03	0.86	0.98
Q96BM9	ADP-ribosylat	0.02	0.11	1.30	3	1.03	1.07	1.24	0.97	1.26
Q96C19	EF-hand dom	0.00	0.01	1.27	3	0.97	0.88	1.12	0.95	1.06
Q96C36	Proline-5-c:	0.00	0.01	1.22	3	0.98	0.86	1.05	0.87	0.98
Q96CW6	Probable RNz	0.01	0.06	1.22	3	1.06	0.87	1.01	0.95	0.95
Q96DA6	mitochondria	0.00	0.03	1.25	3	0.94	0.87	1.09	0.95	1.01
Q96DP5	Methionyl-tR	0.00	0.05	1.29	3	1.04	0.82	1.04	0.88	1.05
Q96MW1	Coiled-coil dc	0.00	0.01	1.21	3	1.06	0.94	1.04	1.02	1.14
Q99442	Translocation	0.01	0.08	1.24	3	1.02	0.92	1.06	0.92	1.14
Q99576-3	Isoform 2 of [	0.00	0.03	1.23	3	1.03	0.88	1.09	0.94	1.09
Q99807-1	5-demethoxy	0.00	0.01	1.39	3	1.04	0.92	1.11	0.92	1.28
Q99816	Tumor suscep	0.00	0.00	1.20	3	1.01	0.90	1.08	0.92	1.08
Q99829	Copine-1 OS=	0.00	0.02	1.25	3	1.03	0.90	1.10	0.93	1.13
Q99856	AT-rich interz	0.00	0.04	1.23	3	1.05	0.93	1.12	0.95	1.15
Q9BUE0	Mediator of f	0.00	0.01	1.43	3	1.01	0.92	1.27	0.94	1.31
Q9BUL8	programmed	0.00	0.02	1.23	3	0.98	0.88	1.08	0.89	1.03
Q9BV79	Enoyl-[acyl-c:	0.00	0.01	1.28	3	0.99	0.88	1.13	0.92	1.09
Q9BWH2	FUN14 doma	0.00	0.02	1.21	3	1.09	0.99	1.20	1.00	1.17
Q9GZT9-1	Egl nine hom	0.00	0.03	1.28	3	1.02	0.80	0.96	0.88	1.03
Q9H063	repressor of f	0.00	0.04	1.20	3	1.00	0.92	1.09	1.05	1.10
Q9H0W9	Ester hydrola	0.00	0.00	1.60	3	1.10	0.72	1.14	0.91	1.12
Q9H3K2	Growth horr	0.00	0.03	1.30	3	1.09	0.84	1.06	0.91	0.98
Q9H5H4	Zinc finger pr	0.00	0.01	1.24	3	1.01	0.82	0.99	0.87	0.98
Q9H6K1	Uncharacteri:	0.04	0.17	1.27	3	0.76	0.75	0.89	0.95	0.86
Q9H7C9-1	Mth938 dom	0.00	0.01	1.29	3	1.06	0.89	1.15	0.96	1.13
Q9H920	RING finger p	0.02	0.12	1.42	3	0.79	0.85	1.12	1.02	1.01
Q9HBK9	Arsenite metl	0.00	0.02	1.34	3	1.02	0.85	1.14	0.96	1.10
Q9NPJ3	Acyl-coenzyn	0.00	0.01	1.29	3	0.97	0.86	1.08	0.91	1.10
Q9NUD5	Zinc finger CC	0.00	0.05	1.30	3	1.08	0.83	0.93	0.92	0.94
Q9NVE7	pantothenate	0.00	0.00	1.20	3	1.03	0.87	1.01	0.92	1.05
Q9NVJ2	ADP-ribosylat	0.03	0.16	1.22	3	1.01	0.92	1.13	0.94	1.10
Q9NZU5	LIM and cyste	0.00	0.03	1.20	3	0.95	0.86	1.03	0.89	0.99
Q9P2K2	Thioredoxin c	0.05	0.19	1.28	3	0.95	0.92	0.97	0.85	1.09

Q9UBI6	Guanine nucl	0.03	0.15	1.26	3	0.90	0.98	1.13	0.91	1.09
Q9UEG4	Zinc finger pr	0.05	0.19	1.23	3	1.06	0.86	0.94	0.89	1.06
Q9UKJ3-1	G patch dom:	0.04	0.16	1.21	3	0.98	0.88	1.06	0.95	1.04
Q9Y232-1	Chromodom:	0.00	0.01	1.57	3	1.08	0.84	1.22	0.90	1.32
Q9Y2Q3-1	Glutathione S	0.00	0.03	1.21	3	0.96	1.03	1.14	1.03	1.16
Q9Y3D6	Mitochondria	0.00	0.00	1.25	3	0.96	0.90	1.12	0.98	1.00
Q9Y467	sal-like protei	0.00	0.04	1.22	3	1.12	0.92	1.06	0.99	1.06
Q9Y4E5	E3 SUMO-prc	0.02	0.13	1.26	3	1.03	0.86	1.08	0.92	1.09
Q9Y6B6	GTP-binding j	0.00	0.01	1.22	3	0.99	0.86	1.04	0.90	1.03

Accession	Description	Anova	Anova.adj	MaxFC	Clusters	Means.C	Means.T1	Means.T2	Means.T3	Means.T4
O14657	Torsin-1B [OS	0.03	0.15	1.36	4	1.11	1.43	1.05	1.26	1.26
O15392	Baculoviral IA	0.05	0.18	1.27	4	1.08	1.25	1.03	1.07	0.98
O43164	E3 ubiquitin-γ	0.00	0.02	1.27	4	0.97	1.10	0.87	1.04	0.92
O43174	Cytochrome l	0.00	0.01	1.27	4	1.02	1.23	0.97	1.15	1.05
O43482	Protein Mis1	0.00	0.00	1.30	4	0.97	1.24	0.95	1.02	0.96
O60318	Germinal-cen	0.02	0.12	1.21	4	0.94	1.13	0.94	1.07	0.96
O60869	Endothelial d	0.01	0.06	1.41	4	0.94	1.29	1.03	0.91	1.03
O75063	Glycosaminoq	0.00	0.02	1.41	4	1.06	1.32	0.93	1.08	1.04
O75150	E3 ubiquitin-γ	0.00	0.04	1.22	4	1.01	1.21	0.99	1.06	1.03
O75386	Tubby-relate	0.03	0.16	1.38	4	0.98	1.22	0.88	1.02	1.08
O75676	Ribosomal pr	0.00	0.05	1.43	4	1.00	1.18	0.82	1.11	0.86
O75915	PRA1 family γ	0.01	0.09	1.21	4	1.03	1.12	0.98	1.00	0.93
O94889	Kelch-like prc	0.01	0.07	1.39	4	0.95	1.22	0.96	1.11	0.88
O95140	Mitofusin-2 C	0.00	0.02	1.22	4	1.00	1.15	0.94	1.08	0.94
O95685	Protein phosγ	0.01	0.06	1.32	4	1.06	1.25	1.05	1.14	0.94
P00488	Coagulation f	0.03	0.14	1.68	4	1.17	1.53	0.91	1.14	1.11
P00734	Prothrombin	0.00	0.01	1.81	4	0.99	1.52	0.84	1.13	0.93
P00747	Plasminogen	0.00	0.02	1.90	4	1.00	1.53	0.80	1.07	0.92
P01008	Antithrombin	0.01	0.06	1.73	4	1.05	1.48	0.85	1.09	1.01
P01023	Alpha-2-macr	0.00	0.02	1.84	4	1.02	1.49	0.81	1.06	0.84
P01024	Complement	0.00	0.02	1.79	4	1.02	1.50	0.84	1.09	0.89
P01033	Metalloprote	0.01	0.09	1.34	4	0.94	1.13	0.84	0.96	0.90
P02042	Hemoglobin ε	0.00	0.03	1.44	4	0.97	1.21	0.92	1.17	0.84
P02452	Collagen alph	0.01	0.08	2.22	4	1.10	1.78	0.80	1.05	1.04
P02461	Collagen alph	0.00	0.03	1.72	4	0.98	1.51	0.88	1.10	0.89
P02649	Apolipoprote	0.02	0.12	1.52	4	1.00	1.38	0.91	1.03	0.94
P02656	Apolipoprote	0.00	0.02	1.60	4	0.99	1.40	0.87	1.36	0.97
P02748	complement	0.00	0.01	2.07	4	0.99	1.61	0.78	1.15	0.79
P02751	fibronectin [C	0.00	0.02	1.56	4	1.01	1.36	0.87	1.04	0.87
P02753	Retinol-bindii	0.00	0.04	1.75	4	1.07	1.47	0.84	1.08	0.93
P02768	Serum album	0.00	0.03	2.33	4	1.16	1.66	0.71	1.13	0.84
P02771	Alpha-fetopr	0.00	0.02	1.90	4	1.04	1.58	0.83	1.15	0.91
P02787	Serotransferr	0.00	0.04	1.91	4	0.97	1.53	0.80	1.07	0.85
P02788	Lactotransfer	0.01	0.06	1.86	4	1.21	1.47	0.79	1.00	0.87
P04004	Vitronectin [C	0.00	0.01	1.57	4	1.01	1.48	0.94	1.16	0.99
P04114	apolipoprotei	0.00	0.00	1.78	4	1.03	1.50	0.84	1.22	0.88
P04278-1	Sex hormone	0.00	0.05	1.89	4	1.05	1.60	0.84	1.09	0.98
P04745	Alpha-amylas	0.02	0.12	1.88	4	0.99	1.50	0.80	1.08	0.89
P05156	Complement	0.00	0.02	1.92	4	1.11	1.39	0.72	1.01	0.83
P05452	Tetranectin C	0.00	0.05	1.79	4	0.99	1.51	0.86	1.11	0.84
P05543	thyroxine-bin	0.01	0.07	1.59	4	1.00	1.48	0.93	1.04	0.98
P05546	Heparin cofac	0.01	0.09	2.35	4	1.24	1.85	0.79	1.19	0.82
P06396	Gelsolin OS=†	0.00	0.04	1.50	4	1.04	1.36	0.90	1.07	0.93
P07358	Complement	0.00	0.01	2.25	4	1.07	1.76	0.79	1.26	1.01
P07996	thrombospor	0.00	0.03	1.84	4	1.05	1.47	0.80	1.07	0.88
P08123	Collagen alph	0.03	0.14	1.82	4	1.12	1.66	0.91	1.14	1.11
P09234	U1 small nucl	0.02	0.11	1.42	4	1.06	1.30	0.91	1.10	1.07
P09486	SPARC OS=Hc	0.00	0.05	1.37	4	0.98	1.20	0.88	0.96	0.94
P0C0L4-1	Complement	0.00	0.00	1.77	4	1.01	1.52	0.86	1.09	0.88
P10643	Complement	0.00	0.05	1.94	4	0.96	1.52	0.78	1.01	0.85
P12109	Collagen alph	0.00	0.05	1.22	4	0.99	1.17	0.96	1.01	0.96
P12111	Collagen alph	0.05	0.19	1.32	4	1.00	1.27	0.97	1.11	0.99
P12259	Coagulation f	0.00	0.02	1.49	4	0.98	1.31	0.88	1.05	0.93
P13645	Keratin, type	0.01	0.10	1.77	4	1.02	1.54	0.87	1.14	0.95
P13647	Keratin, type	0.02	0.12	1.84	4	1.03	1.57	0.85	1.17	1.10
P14373	Zinc finger pr	0.02	0.11	1.22	4	0.87	1.05	0.91	0.94	0.87
P14927	Cytochrome l	0.04	0.18	1.53	4	0.88	1.31	1.11	1.12	1.34
P15169	Carboxypepti	0.01	0.07	1.71	4	1.00	1.43	0.84	1.21	0.97
P18440	Arylamine N-	0.01	0.07	1.26	4	1.04	1.20	0.96	1.09	0.99
P18615	Negative elor	0.03	0.15	1.22	4	1.00	1.16	0.95	1.05	0.97
P19823	Inter-alpha-tr	0.00	0.01	1.92	4	1.03	1.56	0.81	1.06	0.89
P19827	Inter-alpha-tr	0.01	0.09	1.89	4	1.00	1.52	0.81	1.04	0.81
P20248	Cyclin-A2 [OS	0.01	0.07	1.27	4	1.03	1.16	0.91	1.07	0.95
P20742	Pregnancy zo	0.00	0.02	1.79	4	0.99	1.57	0.88	1.14	0.89
P20908	Collagen alph	0.00	0.05	1.78	4	1.02	1.54	0.87	1.11	0.94
P23142	Fibulin-1 [OS	0.00	0.03	1.64	4	0.99	1.41	0.86	1.11	0.88
P35443	Thrombospor	0.00	0.01	1.79	4	1.02	1.46	0.82	1.12	0.87
P36955	Pigment epitl	0.01	0.09	1.41	4	1.00	1.28	0.90	0.98	0.91
P40189	Interleukin-6	0.03	0.16	1.31	4	0.94	1.23	1.03	1.08	1.07
P42575-1	caspase-2 [O	0.01	0.07	1.27	4	1.01	1.15	0.91	1.15	0.98
P49747	Cartilage olig	0.00	0.02	2.00	4	1.02	1.56	0.78	1.09	0.83
P51530	DNA replicati	0.00	0.05	1.24	4	0.97	1.14	0.93	1.05	0.94

P51884	Lumican OS=	0.01	0.06	1.60	4	1.05	1.40	0.88	1.05	0.92
P62877	E3 ubiquitin- $\gamma$	0.00	0.02	1.73	4	1.11	1.05	0.64	0.94	0.84
P62942	Peptidyl-proh	0.01	0.10	1.25	4	1.00	1.12	0.93	1.03	0.90
P69905	Hemoglobin $\delta$	0.01	0.10	1.33	4	1.07	1.22	0.92	1.12	1.02
P82921	28S ribosoma	0.02	0.11	1.21	4	1.04	1.15	0.95	1.07	1.01
P98179	RNA-binding	0.01	0.08	1.30	4	0.98	1.14	0.87	1.11	0.90
Q02818	Nucleobindin	0.02	0.11	1.22	4	1.01	1.16	0.95	1.09	0.99
Q03692	Collagen alph	0.00	0.05	1.55	4	0.99	1.28	0.82	1.03	0.95
Q04756	Hepatocyte g	0.01	0.10	1.60	4	1.07	1.47	0.92	1.09	1.06
Q05048	Cleavage stir	0.00	0.05	1.21	4	0.96	1.07	0.93	1.03	0.89
Q06033-1	Inter-alpha-tr	0.00	0.01	2.06	4	0.99	1.55	0.75	1.09	0.82
Q06587	E3 ubiquitin- $\gamma$	0.00	0.01	1.36	4	0.94	1.21	0.92	1.09	0.89
Q12805	EGF-containin	0.00	0.03	1.68	4	1.05	1.44	0.91	1.12	0.86
Q12834	cell division c	0.00	0.03	1.30	4	0.95	1.05	0.82	1.01	0.81
Q12860	Contactin-1 C	0.04	0.18	1.25	4	1.00	1.17	0.93	0.98	0.97
Q13243	Serine/arginin	0.00	0.02	1.27	4	0.98	1.14	0.90	1.08	0.92
Q13501-1	sequestosom	0.00	0.01	1.27	4	1.01	1.14	0.90	1.08	0.96
Q14457	Beclin-1 OS=	0.05	0.19	1.36	4	1.02	1.24	0.91	1.04	1.01
Q14554	Protein disulf	0.01	0.05	1.21	4	0.91	1.03	0.87	0.88	1.05
Q147X3	N-alpha-acet	0.02	0.10	1.22	4	0.94	1.13	0.92	1.05	0.93
Q14849-1	StAR-related	0.00	0.04	1.52	4	1.03	1.55	1.02	1.07	1.02
Q15058	Kinesin-like p	0.01	0.10	1.23	4	1.04	1.13	0.93	1.00	0.96
Q15063	Periostin OS=	0.00	0.04	1.76	4	1.02	1.52	0.86	1.14	0.92
Q15233	Non-POU dor	0.00	0.03	1.21	4	0.94	1.02	0.87	1.00	0.85
Q15582	Transforming	0.00	0.02	1.80	4	1.05	1.46	0.81	1.08	0.93
Q15650	Activating sig	0.05	0.19	1.21	4	1.08	1.20	0.99	1.08	1.07
Q15831	Serine/threor	0.00	0.01	1.33	4	0.97	1.21	0.92	1.02	0.96
Q15836	Vesicle-assoc	0.04	0.17	1.27	4	1.00	1.23	0.97	1.03	1.04
Q562R1	Beta-actin-lik	0.00	0.01	1.25	4	0.94	1.17	0.98	1.18	0.98
Q58FF7	Putative heat	0.01	0.09	1.31	4	1.05	1.18	0.92	1.01	0.90
Q5J8M3	ER membran	0.02	0.13	1.22	4	0.94	1.05	0.92	1.00	0.87
Q5SQN1-1	Synaptosoma	0.00	0.04	1.23	4	1.00	1.15	0.96	1.05	0.93
Q5VSG8-1	Glycoprotein	0.02	0.10	1.29	4	1.08	1.16	0.94	1.09	0.90
Q66GS9	Centrosomal	0.00	0.04	1.25	4	0.92	1.08	0.90	0.97	0.87
Q68CL5-5	Isoform 5 of $\gamma$	0.00	0.02	1.51	4	0.99	1.27	0.84	1.11	0.99
Q69YQ0-1	Cytospin-A [C	0.01	0.10	1.23	4	1.00	1.12	0.91	1.00	0.92
Q6NUN9	Zinc finger pr	0.02	0.11	1.36	4	1.01	1.25	0.92	1.03	0.99
Q7L3T8	probable prol	0.00	0.03	1.24	4	1.00	1.12	0.90	1.01	0.94
Q7Z6J8	E3 ubiquitin- $\gamma$	0.00	0.04	1.40	4	0.96	1.23	0.92	1.07	0.88
Q86UD1	Out at first pr	0.03	0.14	1.37	4	1.00	1.29	0.94	0.96	1.04
Q8IWA4	Mitofusin-1 C	0.00	0.01	1.22	4	1.02	1.19	0.98	1.13	1.00
Q8NCD3	Holliday junct	0.00	0.03	1.44	4	0.92	1.22	0.87	1.04	0.84
Q8NFI3	Cytosolic end	0.00	0.03	1.24	4	0.98	1.22	0.99	1.05	1.01
Q8NFP9	Neurobeachin	0.04	0.18	1.26	4	1.04	1.22	1.00	1.05	0.97
Q8WVD5-1	RING finger p	0.03	0.15	1.28	4	1.07	1.29	1.01	1.21	1.06
Q8WVIO	Small integra	0.02	0.11	1.34	4	0.98	1.23	0.92	1.10	1.10
Q8WVQ1	Soluble calci	0.02	0.12	1.27	4	1.05	1.22	0.96	1.10	1.00
Q8WXX5	dnaJ homolo $\gamma$	0.02	0.10	1.21	4	1.00	1.10	0.91	1.03	0.99
Q8WYA0	Intraflagellar	0.01	0.07	1.29	4	1.01	1.24	0.96	1.07	0.97
Q8WYQ5-1	Microprocess	0.01	0.09	1.21	4	0.99	1.12	0.93	1.06	0.92
Q92734-1	Protein TFG [	0.00	0.03	1.25	4	0.94	1.11	0.89	1.04	0.93
Q92997	segment pola	0.00	0.02	1.40	4	0.98	1.21	0.87	1.04	0.90
Q96CN9	GRIP and coil	0.01	0.09	1.29	4	0.94	1.07	0.91	1.01	0.83
Q96F63	Coiled-coil dc	0.01	0.08	1.39	4	1.00	1.22	0.88	1.05	0.92
Q96GQ5-1	RUS1 family $\gamma$	0.02	0.11	1.23	4	0.96	1.13	0.94	0.99	0.92
Q96HQ2-1	CDKN2AIP N-	0.01	0.05	1.29	4	0.93	1.14	0.93	1.05	0.88
Q96I51	RCC1-like G e	0.00	0.01	1.24	4	0.96	1.06	0.89	0.95	0.86
Q96IY1	Kinetochore- $\gamma$	0.00	0.03	1.28	4	1.06	1.18	0.92	1.00	0.97
Q96J42	Thioredoxin c	0.03	0.14	1.25	4	0.92	1.09	0.88	1.04	0.88
Q96R06	Sperm-associ	0.01	0.09	1.28	4	1.03	1.17	0.91	1.02	0.96
Q96SZ6	CDK5 regulat	0.01	0.06	1.22	4	0.95	1.12	0.92	1.08	1.01
Q99435-1	Protein kinas	0.00	0.00	1.62	4	1.00	1.38	0.86	1.17	0.85
Q99719	Septin-5 OS=	0.00	0.02	1.72	4	1.00	1.40	0.81	1.04	0.88
Q9BRJ6	Uncharacteri	0.05	0.19	1.24	4	0.90	1.02	0.88	0.90	0.83
Q9BVV7	Mitochondria	0.05	0.19	1.31	4	1.00	1.24	0.95	1.05	1.02
Q9BW72	HIG1 domain	0.00	0.01	1.77	4	1.10	1.73	1.12	1.09	0.98
Q9BZP6	Acidic mamm	0.04	0.17	1.43	4	1.04	1.11	0.77	0.95	0.81
Q9H4B7	tubulin beta- $\gamma$	0.01	0.06	1.50	4	0.93	1.36	0.90	1.16	1.01
Q9HC07	Transmembr	0.00	0.01	1.25	4	1.00	1.24	0.99	1.17	1.09
Q9NP58	ATP-binding c	0.03	0.16	1.26	4	1.04	1.22	0.97	1.05	0.97
Q9NQ89	protein C12o	0.02	0.12	1.22	4	0.94	1.15	0.95	1.06	1.03
Q9NS73	MAP3K12-bir	0.03	0.14	1.23	4	1.06	1.24	1.02	1.00	1.08
Q9NW81	ATP synthase	0.01	0.07	1.26	4	0.93	1.15	0.92	0.95	0.92

Q9NXX8	F-box/LRR-rep	0.03	0.15	1.24	4	1.09	1.26	1.02	1.11	1.06
Q9NYF8-1	Bcl-2-associated	0.00	0.03	1.21	4	0.99	1.12	0.93	1.07	0.94
Q9NYF8-3	Isoform 3 of t	0.05	0.19	1.25	4	0.89	1.03	0.85	0.94	0.83
Q9NZI7	Upstream-bir	0.02	0.11	1.25	4	0.98	1.15	0.92	1.04	1.00
Q9NZJ4-1	Sacsin [OS=H	0.05	0.19	1.26	4	1.05	1.22	0.97	1.07	1.04
Q9NZZ3	Charged mult	0.00	0.04	1.24	4	1.01	1.12	0.91	1.01	0.95
Q9P003	Protein corni	0.01	0.08	1.27	4	1.05	1.25	0.99	1.09	1.07
Q9P2J9	[Pyruvate del	0.05	0.19	1.33	4	0.91	1.21	1.02	1.05	0.96
Q9P2L0-1	WD repeat-cc	0.00	0.02	1.23	4	0.97	1.13	0.92	1.07	0.93
Q9UFC0	Leucine-rich r	0.00	0.03	1.32	4	0.97	1.16	0.92	1.01	0.88
Q9UFG5	UPF0449 pro	0.01	0.09	1.56	4	0.92	1.39	0.89	1.19	0.91
Q9UJA3	DNA helicase	0.03	0.14	1.49	4	1.04	1.32	0.89	1.17	0.99
Q9UK97	F-box only pr	0.02	0.10	1.24	4	1.02	1.24	1.00	1.20	1.02
Q9UK99	F-box only pr	0.00	0.03	1.51	4	0.95	1.28	0.87	1.09	0.85
Q9UQL6-3	Isoform 3 of t	0.04	0.17	1.26	4	0.98	1.23	0.99	1.02	1.03
Q9Y2G8	DnaJ homolo	0.04	0.18	1.46	4	0.95	1.21	0.88	1.01	0.83
Q9Y2W1	Thyroid horm	0.00	0.03	1.26	4	0.98	1.12	0.89	1.02	0.97
Q9Y2W6	tudor and KH	0.04	0.17	1.20	4	1.03	1.20	1.02	1.09	0.99
Q9Y3D0	Mitotic spind	0.02	0.12	1.28	4	1.01	1.15	0.95	1.08	0.90
Q9Y3D8	Adenylate kir	0.04	0.16	1.30	4	0.96	1.24	1.00	1.03	1.01
Q9Y605	MORF4 famil	0.01	0.10	1.25	4	0.92	1.15	0.92	1.03	0.93