

Table S25. Disease continuum. To assess the potential role of RXFP3 in controlling aging-associated diseases, we employed an entirely unbiased analysis. We created a database of proteins, extracted from the entire human genome, explicitly and implicitly associated (via PubMed Central text mining using GeneIndexer (<https://geneindexer.com/>)) with input interrogator terms covering the majority of age-associated disease conditions. We termed this dataset of disease-associated proteins the ‘Disease Continuum’. Abbreviations are as follows: Alzheimer’s disease (AD); Amyotrophic Lateral Sclerosis (ALS); Liver disease (LD); Diabetes mellitus (DM); Dementia (D); Chronic obstructive pulmonary disease (COPD); Stroke (S); Chronic Kidney Disease (CKD); Frontotemporal dementia (FTD); Frontotemporal lobar degeneration (FTLD); Huntington’s disease (HD); Chronic Heart Failure (CHF); Mild cognitive impairment (MCI); Neurodegeneration (N); Parkinson’s disease (PD); Cancer (C).

<i>Gene Symbol</i>	Alz	ALS	LD	DM	D	COPD	S	CKD	FTD	FTLD	HD	CHF	MCI	N	PD	C
<i>BDNF</i>	0.214	0.105	0.403	0.125	0.389	0.0174	0.24	0.44	0.319	0.293	0.362	0.246	0.472	0.311	0.361	0.293
<i>SNCAIP</i>	0.113	0.144	0.293	0.425	0.164	0.119	0.176	0.226	0.15	0.247	0.354	0.597	0.358	0.267	0.304	0.113
<i>TTBK2</i>	0.386	0.115	0.188	0.214	0.201	0.105	0.138	0.261	0.236	0.17	0.401	0.219	0.232	0.303	0.315	0.214
<i>GFAP</i>	0.135	0.135	0.289	0.199	0.11	0.208	0.248	0.225	0.214	0.1677	0.221	0.433	0.369	0.33	0.193	0.214
<i>SNAX1</i>	0	0.17	0.236	0	0.21	0.153	0.19	0.276	0.19	0.134	0.496	0.199	0.259	0.477	0.394	0.2214
<i>SAX2</i>	0	0.249	0.28	0.221	0.23	0.219	0.115	0.292	0.226	0.418	0.165	0.165	0.105	0.295	0	0.35
<i>CLN8</i>	0	0.146	0.221	0.184	0.106	0.182	0.205	0.222	0.114	0.1778	0.39	0.351	0.29	0.267	0.358	0
<i>ALS2</i>	0.232	0.154	0.272	0.146	0.115	0.183	0.217	0.232	0.115	0.167	0.294	0.33	0.36	0.222	0	0
<i>TOR1A</i>	0	0.115	0.114	0.12	0.539	0.145	0	0.134	0.307	0.224	0.194	0.19	0.313	0.123	0.141	0.251
<i>PSNP2</i>	0.208	0.236	0.174	0.175	0.123	0	0.214	0.272	0.245	0.3144	0.162	0.17	0.154	0.262	0	0.135
<i>MTOR</i>	0.144	0	0.22	0.333	0.182	0.139	0.185	0.212	0.122	0.138	0.137	0.121	0.175	0.163	0.144	0.34
<i>DARS2</i>	0	0.152	0.267	0.224	0.139	0.154	0.144	0.25	0.111	0.1445	0.19	0.183	0.287	0.243	0	0.241
<i>VPS13A</i>	0	0	0.119	0.313	0.173	0.122	0.129	0.159	0.328	0.227	0.168	0.184	0.12	0.148	0.143	0.196
<i>SPG11</i>	0	0.125	0.324	0.245	0.168	0.161	0.128	0.149	0.222	0.17	0	0.142	0.11	0.175	0	0.373
<i>FAAH</i>	0.231	0.123	0.102	0	0.355	0.188	0.204	0.172	0.155	0.181	0.177	0	0.141	0.114	0	0.327
<i>SCA9</i>	0	0	0.107	0.111	0.102	0.186	0.129	0.103	0.277	0.323	0.123	0.259	0.154	0.11	0.143	0.339
<i>CLN4</i>	0	0.121	0.218	0	0.205	0.286	0.121	0.132	0.268	0.146	0	0.137	0.31	0.124	0.134	0.261
<i>SAX1</i>	0	0.11	0.106	0.248	0	0.332	0.16	0.125	0.121	0.236	0.146	0.145	0.191	0.127	0	0.337
<i>ARF6</i>	0	0	0.193	0.324	0.187	0.163	0.184	0.163	0.12	0.119	0.147	0.149	0.131	0.103	0.142	0.232
<i>ATXN8OS</i>	0	0	0.132	0.296	0.164	0.139	0.131	0.129	0.144	0.204	0.123	0.109	0.201	0.154	0.119	0.304
<i>NHLRC1</i>	0.222	0.164	0.108 4	0.18	0.106	0.194	0.11	0.165	0.116	0.206	0.247	0	0.141	0.208	0	0.18
<i>FPEVF</i>	0	0.13	0.123	0.269	0.266	0.204	0.13	0.166	0.144	0.213	0	0.147	0.392	0	0	0.156
<i>POLG</i>	0	0	0.145	0.308	0.212	0.139	0.314	0.183	0.129	0.14	0.111	0.197	0.11	0.111	0	0.238
<i>MAP1B</i>	0.126	0.401	0.109	0.12	0.388	0	0	0.113	0.158	0.134	0	0.145	0.46	0.179	0	0
<i>EPM2A</i>	0.114	0.159	0.138	0	0.559	0.186	0.122	0.124	0.129	0.136	0.132	0	0.122	0.188	0	0.222

SCA21	0	0	0.138	0.111	0.196	0.173	0.182	0.147	0.18	0.187	0.15	0.137	0.183	0.117	0.142	0.282
ATXN2	0	0.121	0.118	0.243	0.211	0	0	0.113	0.208	0.176	0.103	0.305	0.112	0.248	0.119	0.248
SCA22	0	0	0.133	0.115	0.21	0.11	0.13	0.106	0.123	0.117	0.163	0.317	0.14	0.103	0.142	0.407
SERPINI1	0.106	0.249	0.134	0	0.541	0.286	0.121	0.106	0.172	0.168	0.105	0	0.187	0.104	0	0
SPAST	0	0.108	0.11	0.253	0.189	0.169	0.182	0.115	0.144	0.44	0	0.142	0.322	0.102	0	0
ATXN10	0	0	0.168	0.312	0.164	0.149	0.184	0.159	0.192	0	0.178	0.122	0.101	0.24	0.119	0.171
SCAX2	0	0	0.142	0.275	0	0.156	0.141	0.188	0	0.166	0.13	0.228	0.322	0.104	0.141	0.245
C10ORF2	0	0	0.121	0.307	0.185	0.105	0.183	0.105	0.161	0.143	0.109	0.109	0.13	0.312	0	0.263
PARK4	0	0.137	0.128	0	0.198	0	0	0.106	0.325	0.247	0.185	0.123	0.231	0.177	0.119	0.23
SCA26	0	0	0.103	0.115	0.128	0.187	0.129	0.108	0.158	0.161	0.101	0.128	0.151	0.294	0.141	0.298
SCA19	0	0	0.15	0.115	0.253	0.187	0.181	0.131	0.202	0.183	0.13	0.121	0.104	0.135	0.118	0.191
PLEKHG4	0	0	0.164	0.278	0.293	0	0.106	0.115	0.225	0.153	0.122	0.108	0.14	0.119	0.142	0.196
TRNK	0	0	0.125	0.111	0.268	0.22	0.129	0.141	0.121	0	0.173	0.157	0.113	0.112	0.134	0.343
ATXN7	0	0	0.138	0.274	0.217	0	0	0.104	0.239	0.198	0.114	0.122	0.291	0.15	0.119	0.181
ANE1	0	0.117	0.116	0.144	0.143	0.218	0.128	0.114	0.209	0.227	0	0.147	0.111	0.123	0	0.339
ATXN3	0	0.147	0.126	0.111	0.19	0	0	0.104	0.179	0.173	0.162	0.197	0.215	0.129	0.124	0.255
SPG7	0	0.13	0.159	0.266	0.307	0	0.156	0.11	0.11	0.182	0.183	0.197	0.13	0.177	0	0
SCA20	0	0	0.108	0.111	0.187	0.306	0.126	0.159	0	0.112	0.11	0.127	0.145	0.18	0.14	0.281
NDNF	0	0.108	0.35	0	0.182	0.286	0.121	0.208	0.124	0.115	0.165	0.197	0.112	0.122	0	0
SCA29	0	0	0.1	0.32	0.188	0.136	0.129	0.1	0.208	0.11	0.143	0.108	0.103	0.106	0.142	0.196
SCAS1	0	0	0.1	0.288	0	0.154	0.141	0.135	0	0.143	0.188	0.157	0.253	0.155	0	0.372
SPG32	0	0.145	0.188	0.12	0.242	0.157	0.127	0.112	0.143	0.13	0.133	0.116	0.141	0.151	0	0.181
SLC1A2	0.134	0.175	0.124	0	0.228	0.286	0.1	0.107	0.219	0.111	0.157	0	0.275	0.15	0	0
CPAT1	0	0.121	0.174	0.24	0.208	0.218	0.129	0.166	0.102	0.324	0.106	0.131	0.134	0	0	0
CCAL1	0	0.417	0.121	0.23	0.123	0	0	0.11	0.184	0.202	0	0.11	0.162	0.101	0	0.288
SCA25	0	0	0.121	0.115	0.15	0.141	0.13	0.135	0.199	0.135	0.164	0.107	0.118	0.12	0.141	0.27
FRDA2	0	0	0.132	0.28	0.293	0.163	0.193	0.108	0	0	0.227	0.12	0.101	0.186	0.111	0.129
SPG30	0	0.121	0.103	0.248	0.157	0.128	0.127	0.199	0.198	0.13	0	0.155	0.106	0.16	0	0.201
SCAR7	0	0	0.13	0.282	0	0.18	0.167	0	0	0.159	0.169	0.113	0.305	0.136	0.124	0.264
ZNF828	0.1	0.16	0.401	0.108	0.22	0	0.117	0.105	0.106	0.129	0	0.337	0.123	0.119	0	0
MFSDB	0	0.125	0.125	0	0.349	0.171	0.121	0.168	0.182	0.127	0	0.138	0.117	0.401	0	0
SCAX1	0	0	0.16	0.296	0	0.205	0.145	0.187	0	0.139	0.215	0.113	0.137	0.144	0	0.278
CLAM	0	0.131	0.109	0.172	0.143	0.171	0.109	0.122	0.116	0.303	0	0.107	0.14	0.249	0	0.145
CLA3	0	0	0.124	0.278	0	0.323	0.145	0.117	0	0.141	0.107	0.181	0.126	0.106	0.108	0.245
LG13	0.134	0.138	0.207	0	0.504	0.19	0.121	0.151	0.229	0.108	0	0	0.102	0.11	0	0
FCMTE2	0.128	0.167	0.138	0.119	0.345	0.109	0.127	0.107	0.131	0.14	0	0.101	0.163	0	0	0.218
TBCE	0.322	0.207	0.179	0.12	0.276	0	0	0	0.101	0.243	0.138	0.138	0.155	0.11	0	0
OPA3	0	0	0.116	0.281	0.168	0	0.133	0.182	0.149	0.16	0	0.221	0.288	0.109	0	0.175
TOR1B	0	0	0.22	0	0.177	0.169	0.125	0.112	0.201	0.189	0	0.144	0.17	0.207	0	0.232
PANK2	0	0	0.111	0.279	0.166	0	0.103	0.107	0.162	0.132	0.128	0.13	0.111	0.106	0	0.41
SEPT5	0	0.185	0.121	0	0.205	0	0	0.106	0.241	0.262	0.119	0	0.279	0.125	0	0.301

ERDA1	0	0	0.113	0.288	0.177	0	0	0.108	0.232	0	0.111	0.127	0.246	0.109	0.109	0.307
SMAN1	0	0.203	0.111	0.115	0.151	0	0	0.104	0.199	0.196	0.123	0.197	0.298	0.228	0	0
SPG19	0	0.191	0.109	0.266	0.201	0.146	0.13	0.22	0.103	0.136	0	0.17	0.115	0.134	0	0
KLHL8	0	0	0	0.158	0.26	0.162	0.198	0.177	0	0.218	0.127	0.148	0.114	0.114	0	0.233
SERF2	0	0.123	0.123	0.234	0.182	0	0	0.104	0.221	0.143	0.148	0	0.138	0.35	0.134	0
GABRD	0	0.355	0.189	0	0	0.508	0.107	0.112	0	0.116	0	0	0.181	0	0	0.325
ATN1	0	0.119	0.119	0.115	0.165	0	0	0.107	0.204	0.132	0.155	0.101	0.238	0.173	0.141	0.124
REEP1	0	0.129	0.161	0.259	0.273	0.14	0.13	0.198	0.144	0.145	0	0.168	0.138	0	0	0
SETX	0	0.115	0.15	0.108	0.143	0.149	0.126	0.102	0.124	0.163	0.115	0.115	0.123	0.347	0	0
NIPA1	0	0.12	0.108	0.251	0.183	0.141	0.13	0.196	0.144	0.145	0	0.132	0.175	0.138	0	0
AADAT	0	0.111	0.144	0	0.148	0.136	0.206	0.143	0.314	0.176	0.124	0	0.111	0.114	0.135	0
KLC1	0.172	0.108	0.127	0.135	0.52	0	0	0.154	0.219	0.108	0.114	0	0	0.193	0	0
CDK5R1	0	0.158	0.101	0	0.155	0.138	0.125	0.127	0.242	0.142	0.151	0	0	0.154	0	0.356
CHMP2B	0.253	0.119	0.101	0	0.245	0	0	0.109	0.185	0.222	0.183	0.191	0.114	0.116	0	0
DYT4	0	0	0	0.16	0.182	0.244	0.198	0.114	0.174	0	0.154	0.169	0	0.126	0	0.31
YWHAQP2	0.171	0.179	0	0.104	0.178	0	0	0.108	0.241	0.305	0.126	0.152	0	0.266	0	0
CLN5	0	0.152	0.203	0	0.222	0.286	0.125	0.182	0.268	0.119	0	0	0.114	0.147	0	0
CMT2H	0	0.122	0.132	0.242	0.183	0.152	0.129	0.157	0.129	0.182	0	0.124	0.117	0.138	0	0
FIMG1	0	0	0.406	0.203	0	0.181	0.148	0.111	0	0.172	0	0.219	0.101	0	0	0.265
KLHL1	0.137	0	0	0.107	0	0.196	0.166	0.132	0	0.204	0.155	0.165	0	0.119	0.108	0.315
ETL2	0	0.12	0.113	0	0.222	0.286	0.125	0.142	0.101	0.168	0	0	0.125	0.121	0	0.281
ALDH16A1	0	0.115	0.169	0.261	0.319	0	0.101	0.11	0.133	0.177	0	0.143	0.158	0.108	0	0
DYT13	0	0.125	0.114	0.119	0.143	0.134	0.127	0.114	0.131	0.154	0.161	0.152	0.125	0	0	0.19
SEPT4	0	0.335	0	0	0.231	0	0	0.115	0.296	0.247	0.183	0	0	0.132	0.248	0
ATXN8	0	0	0.194	0.115	0.168	0	0	0.126	0.245	0	0.136	0.11	0.111	0.105	0.121	0.351
HFM	0	0.127	0.11	0.263	0.199	0.207	0.13	0.21	0.144	0.11	0	0.14	0.141	0	0	0
CUEDC1	0	0.133	0.114	0	0.204	0.159	0.121	0.169	0.144	0.211	0.162	0	0.133	0.109	0.121	0
C14ORF23	0	0.122	0.185	0	0.192	0.208	0.121	0.12	0.105	0.11	0.103	0	0.242	0.132	0.135	0
ALS5	0.305	0.142	0	0.104	0.203	0	0	0.125	0.115	0.119	0.141	0.19	0	0.319	0	0
ATXN1	0	0	0.114	0.105	0.34	0	0	0.104	0.249	0.114	0.18	0	0.105	0.144	0.122	0.184
SCAR3	0	0	0.21	0.115	0	0.223	0.145	0	0	0.119	0.163	0.114	0.106	0.16	0.14	0.264
PTPN5	0	0	0.128	0	0.133	0.172	0.194	0.112	0.124	0.265	0.103	0	0.187	0.218	0.121	0
RLS2	0	0.208	0.132	0.11	0.143	0.105	0.127	0.106	0.116	0.153	0.186	0.112	0.1	0	0	0.156
SPG21	0	0.138	0.162	0.24	0.201	0	0.102	0.158	0.128	0.247	0	0.127	0.104	0.142	0	0
AFG3L2	0	0.102	0	0.102	0.189	0	0.123	0.117	0.112	0.182	0.131	0.133	0.129	0.115	0	0.297
SPG27	0	0.243	0.112	0.231	0	0.113	0.16	0.117	0.165	0.101	0	0.144	0.109	0	0	0.234
SIL1	0	0.106	0.116	0.234	0	0	0.121	0.139	0.155	0.152	0.148	0.197	0.124	0.235	0	0
SLC1A3	0	0.215	0.109	0	0.143	0.145	0.121	0.155	0.141	0.107	0.136	0	0.125	0.324	0	0
COL25A1	0.221	0	0.319	0	0.218	0	0	0.101	0.165	0.166	0.155	0	0.128	0.121	0.121	0
GIGYF2	0	0.102	0.11	0	0.167	0	0	0.109	0.14	0.15	0	0.136	0.331	0.13	0	0.337
SPG38	0	0.111	0.133	0.26	0.319	0.138	0.131	0.11	0.114	0.145	0	0.142	0.104	0	0	0

ATP13A2	0	0.109	0.225	0	0.156	0	0	0.11	0.13	0.177	0.203	0.144	0.106	0.139	0	0.208
HLN2	0.103	0	0.117	0	0.221	0	0	0.13	0.157	0.205	0.155	0	0.124	0.113	0.133	0.246
FGF14	0	0	0.109	0	0	0.203	0.157	0.116	0	0.15	0.171	0.132	0.172	0.137	0.14	0.208
DCTN1	0	0.358	0	0.113	0.269	0	0	0	0.144	0.197	0.17	0	0	0.19	0.253	0
SACS	0	0	0.132	0.275	0	0.156	0.145	0.125	0.104	0.229	0.141	0.105	0.113	0.162	0	0
MRST	0	0.108	0.104	0.11	0.143	0.182	0.127	0.11	0.142	0.161	0.161	0.103	0.104	0.127	0	0
LRRK2	0	0.163	0.119	0	0.206	0	0	0.111	0.259	0.124	0	0	0.1	0.203	0.137	0.259
C4ORF19	0	0.117	0.115	0	0.257	0.141	0.121	0.106	0.138	0.17	0.102	0	0.154	0.116	0.135	0
TUBA3D	0	0.105	0.113	0	0.216	0	0	0.14	0.435	0.229	0.155	0	0.144	0.112	0	0
ALSFTD	0.155	0.138	0.119	0.12	0.189	0	0	0.113	0.151	0.239	0.114	0	0.142	0.159	0	0
ATXN1L	0	0	0	0.186	0.267	0	0	0.112	0.364	0	0.127	0	0	0.172	0.23	0.177
JPH3	0	0	0.144	0	0.179	0	0	0.119	0.274	0.174	0.123	0	0.172	0.128	0.134	0.183
PPT1	0	0.227	0.131	0	0.182	0.172	0.125	0.12	0.167	0.128	0	0	0.122	0.119	0.136	0
PARK2	0	0.108	0.125	0	0.205	0	0	0.103	0.157	0.202	0.167	0	0.163	0.169	0	0.223
MT1XP1	0	0.155	0	0.104	0.202	0	0.115	0.134	0.245	0.108	0.158	0.176	0.101	0.122	0	0
PARK12	0	0.116	0.114	0	0.206	0	0	0.103	0.105	0.222	0.104	0.116	0.134	0.119	0	0.279
PNMA1	0	0.138	0	0	0.266	0.177	0.125	0.226	0	0.178	0.134	0	0	0.105	0.269	0
PARK7	0	0.113	0	0	0.24	0	0	0.108	0.287	0.215	0.128	0	0	0.142	0.245	0.139
ACAP3	0	0	0	0	0.37	0.133	0	0.116	0.201	0	0.14	0	0	0.156	0.231	0.269
HAAO	0.117	0	0	0	0.302	0.231	0.147	0.13	0.243	0	0.101	0	0	0.106	0.234	0
HYLS1	0	0	0.154	0	0.147	0.321	0.124	0.146	0.206	0.192	0	0.135	0.184	0	0	0
WDR41	0	0	0.105	0	0.181	0	0	0.136	0.105	0.213	0.159	0	0.104	0.203	0.121	0.281
GRIK3	0	0.37	0.174	0	0	0.532	0.141	0.104	0	0.172	0.114	0	0	0	0	0
RCHTS	0	0	0.105	0.281	0.153	0.142	0.122	0.108	0	0.179	0	0.125	0.138	0.141	0	0.107
XK	0	0	0.109	0.105	0.406	0	0.105	0.107	0.107	0	0.121	0.11	0.213	0	0	0.218
DYT7	0	0	0.16	0.275	0.165	0.146	0.122	0.113	0.124	0.138	0	0.102	0.106	0	0	0.15
MLC1	0	0	0.125	0.226	0.163	0.13	0.201	0.118	0.271	0.12	0	0.111	0.121	0	0	0
LOC643534	0	0.13	0.121	0	0.167	0	0	0.109	0.147	0.245	0.16	0	0	0.121	0.119	0.265
EVR3	0	0.104	0	0.102	0.173	0.162	0.122	0.256	0.101	0.173	0	0.126	0	0	0	0.265
AD6	0.46	0	0.16	0	0.22	0	0	0.109	0.221	0.147	0	0	0.136	0.123	0	0
METRN	0	0.33	0	0	0.339	0	0	0.167	0.107	0.113	0.128	0	0	0.138	0.248	0
LOC646506	0.145	0.134	0.103	0	0.201	0	0.118	0.107	0.239	0.155	0.141	0	0.108	0.118	0	0
PRNP	0	0.159	0	0	0.163	0	0.134	0.102	0.375	0.156	0.118	0	0	0.15	0	0.209
TARDBP	0.246	0.116	0.11	0	0.211	0	0	0.156	0.243	0.139	0.126	0	0.109	0.107	0	0
SLC1A1	0	0.109	0.125	0	0.164	0.216	0.105	0.144	0.206	0.125	0.134	0	0	0.115	0.12	0
CDH12P3	0	0.181	0	0.112	0.204	0	0	0	0.272	0.288	0.134	0	0	0.124	0.242	0
CYP46A1	0.322	0.116	0.125	0	0.314	0	0	0.112	0.126	0.169	0	0	0.143	0.129	0	0
EIG3	0	0	0.101	0.204	0	0.152	0.153	0.163	0	0.202	0	0.202	0.133	0	0	0.242
ASAH2B	0	0.124	0.139	0	0.205	0	0.201	0.102	0.177	0.11	0.172	0	0.145	0.174	0	0
TTBK1	0.114	0.124	0.142	0	0.156	0	0.198	0.114	0.242	0.105	0.103	0	0.124	0.126	0	0
PINK1	0	0.126	0.142	0	0.16	0	0	0.11	0.238	0.12	0	0	0.197	0.106	0	0.348

MBS3	0	0.113	0.107	0.105	0.219	0.104	0.13	0.107	0.117	0.11	0	0.102	0.107	0	0	0.224
S100B	0.109	0.101	0.13	0	0.29	0	0.139	0.142	0.225	0.133	0	0	0.143	0.13	0	0
DYNC1H1	0	0.144	0	0.113	0.174	0	0	0	0.121	0.448	0.118	0.143	0	0.144	0.137	0
BACE1	0.11	0.365	0.206	0	0.255	0	0	0.112	0.172	0.104	0	0	0.103	0.113	0	0
MAPT	0.392	0.125	0.167	0	0.14	0	0	0.109	0.168	0.11	0	0	0.113	0.215	0	0
SNCB	0	0.133	0.115	0	0.211	0	0	0.108	0.157	0.275	0.168	0	0.128	0.109	0.134	0
NDUFB3	0	0.13	0	0.113	0.174	0	0	0.128	0.203	0.269	0.131	0.217	0	0.172	0	0
AMLCR2	0	0	0.115	0.201	0.252	0	0	0.105	0.167	0	0.108	0.105	0.107	0	0.105	0.271
ALS7	0.163	0.14	0	0.101	0.167	0	0	0.104	0.289	0.232	0.12	0	0	0.22	0	0
RTN4	0	0.123	0.115	0.23	0.241	0	0	0.106	0.184	0.183	0	0.116	0.108	0.127	0	0
DOCK3	0.113	0.13	0.219	0	0.227	0	0	0.167	0.13	0.149	0.151	0	0.131	0.115	0	0
VPS54	0.16	0.109	0	0.114	0.359	0	0	0.106	0.194	0.132	0.13	0.117	0	0.109	0	0
CPLX2	0	0	0.19	0	0.176	0.154	0.125	0.12	0	0.292	0.11	0	0.104	0.122	0.134	0
APOD	0.14	0.116	0.365	0	0.148	0	0	0.149	0.23	0.131	0	0	0.116	0.13	0	0
GLUL	0	0.123	0	0	0.24	0.414	0.181	0.117	0.166	0.179	0	0	0	0.103	0	0
SLC30A3	0	0.118	0.107	0	0.222	0.188	0.125	0.226	0.155	0.151	0	0	0.106	0.121	0	0
NPTX2	0	0.143	0.417	0	0.214	0.173	0	0.123	0	0.215	0	0	0.129	0.101	0	0
STH	0.111	0.219	0.13	0	0.163	0	0	0.108	0.222	0.176	0.158	0	0.104	0.123	0	0
CALHM3	0.175	0.13	0.116	0	0.314	0	0	0.112	0.233	0.197	0	0	0.108	0.127	0	0
RAI1	0	0	0.11	0.19	0	0.159	0.15	0.114	0	0	0.142	0	0.105	0	0.214	0.328
PDYN	0	0.105	0.131	0	0.152	0.151	0	0.134	0.185	0.126	0	0	0.123	0.111	0	0.292
ZFAND2B	0.145	0.116	0.172	0	0.184	0	0	0.113	0.186	0	0.166	0	0.1	0.108	0	0.215
UBQLN1	0.249	0.11	0.116	0	0.14	0	0	0.167	0.179	0.123	0.146	0	0.165	0.11	0	0
AD7	0	0.12	0.191	0	0.227	0	0	0.104	0.206	0.24	0.15	0	0.104	0.162	0	0
ZFYVE26	0	0	0.124	0.224	0.139	0.184	0.122	0.116	0.122	0.164	0	0.12	0.189	0	0	0
FEB5	0	0	0.131	0	0.18	0.139	0.124	0.111	0.234	0.266	0	0	0.113	0	0	0.205
EMWX	0	0	0.147	0.202	0	0.152	0.14	0.101	0.133	0.229	0	0.115	0.102	0	0	0.178
CLN3	0	0.109	0.106	0	0.196	0.172	0.105	0.174	0.101	0.152	0	0	0.141	0.121	0.119	0
FUS	0.178	0.15	0	0	0.29	0	0	0.109	0.165	0.235	0.258	0	0	0.111	0	0
TRNW	0	0	0	0.18	0	0.16	0.144	0.12	0	0	0.111	0.126	0.221	0.167	0	0.266
SPG3B	0	0.144	0	0.112	0.225	0	0.115	0.108	0.144	0.137	0.127	0.197	0.184	0	0	0
COCH	0	0.104	0.155	0.235	0.189	0	0	0	0.145	0.311	0	0.227	0.127	0	0	0
ABCD1	0	0	0.118	0.202	0.23	0	0.1	0.127	0.201	0	0	0.233	0.152	0.13	0	0
CDK5	0.184	0.124	0	0	0.303	0	0	0.108	0.183	0.119	0.111	0	0	0.164	0	0.196
PVALB	0	0.117	0.12	0	0	0.507	0.151	0	0	0.195	0.127	0.113	0	0.159	0	0
ITM2B	0.116	0.102	0.108	0	0.25	0	0.135	0.118	0.188	0.119	0.116	0	0.117	0.119	0	0
ATL1	0	0.142	0.125	0.105	0.201	0	0.114	0.129	0.181	0.107	0	0.103	0.178	0.103	0	0
KBTD11	0	0.11	0.208	0.234	0	0.182	0.147	0.117	0	0.129	0	0.103	0.131	0	0	0.126
TLCD1	0	0.189	0.122	0	0.205	0.154	0.125	0.163	0.144	0.154	0	0	0.108	0.122	0	0
ADNP	0.101	0.127	0.111	0	0.177	0	0	0.107	0.1	0.166	0.249	0	0.162	0.185	0	0
MGR4	0	0.115	0	0.114	0.232	0.174	0.123	0.161	0.216	0.1	0	0.108	0	0	0	0.141

SPG14	0	0.129	0.137	0.115	0	0	0.144	0	0.171	0.126	0	0.112	0.328	0.219	0	0
ZC3H14	0.101	0.141	0.14	0	0.149	0	0	0.11	0.191	0.132	0.233	0	0.123	0.161	0	0
TAAR8	0	0	0.101	0	0.199	0	0	0.101	0.311	0	0.166	0	0	0.135	0.23	0.238
GRIN1	0	0	0.124	0	0.181	0.142	0.124	0.241	0.173	0.264	0.116	0	0	0	0	0.113
CDKL1	0	0	0.192	0	0.158	0.175	0.124	0.16	0.238	0.177	0	0	0.129	0.12	0	0
SRR	0	0.101	0.147	0	0.155	0	0.192	0.131	0.168	0.214	0.125	0	0.124	0.108	0	0
MAP6	0	0.174	0.126	0	0.222	0.113	0	0.137	0.216	0.132	0.106	0	0.13	0.109	0	0
ALS3	0.106	0.103	0	0.104	0.23	0	0	0.13	0.251	0.124	0.143	0.151	0	0.117	0	0
JOSD2	0.139	0	0	0.168	0	0	0	0	0.149	0	0.278	0	0	0.107	0.312	0.305
L2HGDH	0.31	0	0	0	0.174	0.207	0.153	0.111	0.151	0	0	0.103	0.122	0.125	0	0
DYRK1A	0.189	0	0.115	0	0.219	0	0	0.127	0.156	0.285	0.142	0	0.106	0.114	0	0
GRIN3B	0	0.121	0.147	0	0.225	0	0.182	0.135	0.194	0.186	0.149	0	0	0.112	0	0
CSTB	0	0	0.105	0	0.134	0.136	0.126	0.102	0.184	0.139	0.125	0	0.175	0.103	0.121	0
DISC1	0	0.143	0.203	0	0.21	0.143	0	0.122	0.321	0.183	0	0	0.119	0	0	0
TSEN34	0	0.101	0	0	0	0.204	0.129	0.146	0	0.174	0.161	0	0.113	0.105	0	0.309
PHYHIP	0	0	0.151	0	0	0.176	0.15	0.102	0	0	0.113	0	0.183	0.117	0.108	0.34
MYP5	0	0	0.147	0	0.175	0	0	0.117	0.446	0.161	0.153	0.106	0.134	0	0	0
TMEM106B	0.107	0.13	0.141	0	0.146	0	0	0.105	0.198	0.203	0.157	0	0.121	0.128	0	0
NPTX1	0.129	0.116	0.102	0	0.514	0	0	0.127	0	0.219	0	0	0.103	0.123	0	0
ARL5B	0.162	0	0.129	0	0.167	0	0	0.115	0.295	0.219	0	0	0.102	0.243	0	0
FEB7	0	0	0.108	0	0.178	0.173	0.124	0.177	0.139	0.176	0	0.104	0.1	0	0	0.15
MYMY1	0	0.116	0.121	0.24	0.222	0	0.114	0.132	0.146	0	0	0.119	0.217	0	0	0
PARK3	0	0.134	0.128	0	0.152	0	0	0.105	0.115	0.113	0.113	0.112	0.1	0.157	0	0.197
SCA18	0	0.136	0.129	0	0.166	0	0	0.129	0.226	0.209	0.173	0	0	0.145	0.11	0
ASPA	0	0.1	0.155	0.226	0	0.163	0.153	0.117	0	0.101	0	0.125	0.142	0.14	0	0
GRIK2	0	0.108	0	0	0	0.205	0.126	0.112	0	0.448	0.126	0	0	0.192	0.105	0
SPOAN	0	0.123	0.145	0.105	0.167	0	0.116	0	0.242	0.107	0	0.176	0.13	0.111	0	0
SDIM1	0	0.266	0.133	0	0.209	0	0	0.113	0.158	0.144	0.165	0	0.102	0.131	0	0
TPPP3	0	0.227	0	0	0.232	0	0	0.107	0.217	0.178	0.111	0	0	0.105	0.243	0
HECTD2	0	0.101	0.105	0	0.226	0	0.141	0.131	0.144	0.107	0.17	0	0.16	0.132	0	0
BFIC2	0	0	0.108	0.205	0	0.18	0.167	0.147	0	0.199	0	0.11	0.139	0	0	0.161
GRIN2D	0	0	0	0	0.18	0.176	0.146	0.144	0.105	0.152	0.128	0	0	0.383	0	0
FAM178A	0	0	0	0.117	0	0.155	0.155	0.129	0	0	0.212	0.136	0	0.145	0.119	0.246
MBNL1	0	0	0	0	0.289	0	0	0.164	0.344	0	0.102	0	0	0.164	0.115	0.233
SPG9	0	0	0.131	0.199	0	0.179	0.152	0.106	0.146	0.173	0	0.199	0.125	0	0	0
RPSAP52	0.198	0	0.138	0	0.157	0	0	0.123	0.137	0.13	0	0	0.11	0.417	0	0
PQBP1	0	0	0.105	0	0.177	0.189	0.126	0.103	0.144	0.1	0.118	0	0.102	0.106	0.135	0
ATXN3L	0	0	0	0.156	0.141	0	0	0.127	0.188	0	0.108	0	0	0.109	0.226	0.35
NPTXR	0	0.105	0.122	0	0.155	0.26	0	0.123	0.259	0.131	0	0	0.124	0.122	0	0
SGSH	0	0	0.172	0	0.128	0	0	0.114	0.468	0.128	0.155	0	0.128	0.107	0	0
ICCA	0	0	0.201	0.204	0	0.131	0.158	0.104	0	0.192	0	0.122	0.106	0	0	0.181

SPG28	0	0.119	0	0.112	0	0.169	0.145	0	0.223	0.152	0	0.114	0.198	0	0	0.165
CDCP2	0	0.11	0	0	0.153	0	0	0.112	0.235	0	0.234	0	0	0.118	0.234	0.197
NPEPP5	0.288	0.132	0	0	0.293	0	0	0.113	0.106	0.171	0.166	0	0	0.124	0	0
QSER1	0	0.193	0	0	0.266	0	0	0.133	0.264	0.318	0.118	0	0	0.1	0	0
SLC30A6	0	0.185	0.144	0	0.155	0	0	0.17	0.256	0.119	0	0	0.136	0.227	0	0
GRINA	0	0	0	0	0.195	0.178	0.154	0.101	0.19	0.22	0.118	0	0	0.125	0.11	0
ATP8B4	0	0.101	0.109	0	0.21	0	0	0.184	0.268	0.263	0	0	0.101	0.155	0	0
KCTD7	0	0	0.129	0.106	0	0.224	0.148	0.195	0	0.134	0	0.122	0.214	0	0	0.118
MIR103A1	0	0.319	0.122	0	0.21	0	0	0.105	0.189	0.105	0.109	0	0.106	0.125	0	0
SPG41	0	0.23	0	0.112	0.162	0	0.108	0.174	0.186	0.136	0	0.151	0.129	0	0	0
SLC17A5	0	0	0.138	0.106	0.154	0.115	0.122	0.15	0	0.19	0	0.113	0.182	0.116	0	0
FAM72B	0	0.117	0.111	0	0.222	0	0	0.111	0.156	0.286	0.161	0	0.104	0.116	0	0
HTX2	0	0	0.123	0.205	0	0.142	0.145	0.149	0.175	0	0	0.12	0.155	0	0	0.169
FOXP2	0	0	0.102	0	0	0.165	0.157	0.129	0.125	0.229	0.141	0	0.121	0	0.214	0
FEB1	0	0.319	0	0.102	0	0.141	0.155	0.106	0	0.155	0	0.137	0	0	0	0.265
PNMA2	0	0.188	0	0	0.231	0.23	0.128	0.202	0.128	0	0	0	0.142	0.13	0	0
BMS1	0.136	0.324	0	0	0.274	0	0	0.116	0.147	0.221	0	0	0	0.159	0	0
ZNF746	0	0.123	0	0	0.347	0	0	0.115	0.168	0.21	0.111	0	0	0.105	0	0.196
HSD17B10	0.103	0	0.105	0	0.166	0	0.392	0.103	0.23	0	0	0	0.14	0.133	0	0
KCNC3	0	0	0.125	0.106	0	0.158	0.146	0.13	0	0.184	0.134	0.18	0.103	0	0	0.104
CLSTN2	0.108	0	0.172	0	0.222	0	0	0.129	0.154	0.32	0	0	0.102	0.158	0	0
ARC	0	0	0.121	0	0	0.209	0.157	0.128	0	0.472	0.175	0	0.103	0	0	0
MDD2	0.328	0	0.15	0	0.184	0	0	0.105	0.152	0.165	0	0	0.117	0	0	0.162
NPC1	0.141	0.12	0.182	0	0.172	0	0	0.105	0.148	0.197	0	0	0.153	0.142	0	0
RLS4	0	0	0	0	0.159	0	0	0.121	0.359	0.131	0	0	0.105	0.189	0	0.292
ATCAY	0	0	0.103	0.202	0	0.155	0.14	0.122	0	0.201	0	0.158	0.101	0.172	0	0
MROS	0	0	0.122	0.198	0.153	0.185	0.107	0.142	0.225	0	0	0.108	0.113	0	0	0
BACE1-AS	0.121	0	0.266	0	0.213	0	0	0.101	0.111	0.1	0.106	0	0.106	0.225	0	0
LGI1	0	0.141	0.117	0.105	0	0.139	0.167	0.143	0	0.121	0	0.169	0.101	0	0	0.146
EPRPDC	0	0	0.107	0.202	0	0.232	0.148	0.125	0	0.173	0	0.107	0.119	0	0	0.135
SREK1IP1	0	0.115	0.13	0	0.216	0	0	0.179	0.228	0.116	0.137	0	0.103	0.123	0	0
LOC644462	0	0.143	0	0.113	0.166	0	0	0.127	0.161	0.193	0.111	0.173	0	0.16	0	0
TPPP	0.1	0.111	0	0	0.234	0	0	0.122	0.126	0.193	0.18	0	0	0.108	0.172	0
KLHL14	0	0	0	0.186	0.169	0.184	0.11	0.121	0	0	0	0.117	0	0.101	0.12	0.236
CALHM1	0.106	0.206	0.125	0	0.154	0	0	0.11	0.226	0.196	0	0	0.118	0.102	0	0
EIM	0	0	0.109	0.117	0	0.164	0.139	0.103	0	0.209	0	0.132	0.125	0	0	0.245
UCHL1	0	0.198	0	0	0.145	0	0	0.169	0.187	0.113	0.174	0.207	0	0.15	0	0
WTRS	0	0	0.115	0.19	0	0.155	0.139	0.101	0	0.195	0	0	0.12	0	0	0.325
HAP1	0	0.13	0.108	0	0.167	0	0	0.11	0.154	0.163	0.147	0	0.116	0.133	0.109	0
ERVK-16	0	0.383	0	0	0.198	0	0.11	0.1	0.258	0	0.168	0	0	0.116	0	0
CLN6	0	0	0.118	0	0.181	0.114	0.105	0.206	0.202	0.194	0	0	0.104	0.108	0	0

FCMTE1	0	0.13	0.125	0.234	0	0.145	0.14	0.143	0	0.101	0	0.103	0.109	0	0	0.1
TBC1D24	0	0	0.106	0.19	0	0.182	0.148	0.111	0	0.131	0	0.127	0.172	0	0	0.163
HMP19	0	0.139	0	0.103	0.235	0	0	0.106	0.15	0.182	0.167	0.13	0	0.115	0	0
CDH12P1	0	0.124	0	0.102	0.162	0	0	0	0.191	0.192	0.187	0	0	0.125	0.24	0
TRNG	0	0	0.109	0	0.188	0	0	0.103	0.296	0	0.113	0.106	0.249	0.158	0	0
TPPP2	0	0.127	0	0	0.153	0	0	0.107	0.168	0.417	0.129	0	0	0.105	0.115	0
DNAJB2	0	0	0	0.165	0.187	0	0	0	0.191	0	0.112	0	0	0.113	0.298	0.253
PSEN1	0.331	0	0.117	0	0.196	0	0	0.101	0.15	0.197	0	0	0.102	0.12	0	0
LGMD1G	0	0.172	0	0.102	0.158	0	0	0	0.121	0.236	0.168	0.112	0.116	0.128	0	0
CDH12P4	0	0.126	0	0.102	0.291	0	0	0	0.154	0.122	0.129	0	0	0.138	0.251	0
ATG5	0	0.129	0	0	0.269	0	0	0	0.171	0	0.17	0	0	0.267	0.305	0
UTP11L	0	0.16	0.102	0	0.217	0	0	0.115	0.217	0.118	0.162	0	0.117	0.101	0	0
TPP1	0	0	0	0	0.153	0.155	0.146	0.157	0.132	0.253	0	0	0.12	0.191	0	0
DRP2	0	0	0.111	0	0.139	0	0	0.103	0.372	0.215	0	0	0.111	0	0	0.255
GRIN2B	0	0	0.132	0	0.199	0	0.125	0.103	0.167	0.247	0.191	0	0	0	0	0.142
PRND	0	0.149	0	0	0.164	0	0.124	0.102	0.205	0.263	0.166	0	0	0.133	0	0
SLC18A2	0	0	0.135	0	0.202	0	0	0	0.223	0.26	0.111	0	0	0.108	0.266	0
GPR37	0	0.12	0	0	0.145	0	0	0.108	0.236	0.224	0.187	0	0	0.128	0	0.156
MBS2	0	0.107	0.215	0.105	0	0.154	0.16	0.137	0	0	0	0.156	0.161	0	0	0.109
AD9	0	0.2	0.13	0	0.155	0	0	0.111	0.142	0.114	0.182	0	0.144	0.125	0	0
MARK1	0.134	0	0	0	0.184	0	0	0.106	0.16	0.315	0.194	0	0	0.21	0	0
GDAP1	0	0.156	0	0.113	0	0	0.12	0	0.156	0.275	0	0.119	0.244	0.116	0	0
NCSTN	0.131	0	0.198	0	0.186	0	0	0.132	0.197	0	0	0	0	0.455	0	0
MCKD1	0	0.112	0	0.113	0.163	0	0	0	0.303	0.146	0	0.116	0.125	0	0	0.22
GRM4	0	0.106	0.123	0	0	0.267	0.161	0.185	0	0.198	0.127	0	0	0.131	0	0
CPLX1	0	0	0.102	0	0	0.101	0.17	0.102	0	0.291	0.142	0	0.114	0.139	0.134	0
PSNP3	0.17	0.1	0	0	0.162	0	0	0.14	0.128	0.133	0.193	0	0	0.125	0.144	0
RTN4R	0	0.126	0.152	0.105	0.187	0	0	0	0	0.119	0	0.137	0.103	0.365	0	0
GRM5	0	0.165	0.243	0	0	0.105	0.151	0.129	0	0.114	0.233	0	0	0.154	0	0
LRRK1	0	0.11	0	0	0.145	0	0	0.174	0.154	0.251	0.102	0	0	0.16	0	0.196
RNF19A	0	0.22	0	0	0.138	0	0	0.106	0.135	0.368	0.163	0	0	0.16	0	0
GRIN2A	0	0	0.135	0	0.15	0	0.109	0.103	0.409	0.109	0.103	0	0	0	0	0.171
DPP6	0	0.167	0	0	0.316	0.148	0	0.123	0.188	0.132	0.115	0	0	0.1	0	0
PAND2	0	0	0.153	0	0.191	0	0	0	0.172	0.178	0	0.277	0.171	0	0	0.146
GENE	0	0.164	0	0.103	0.21	0	0	0	0.23	0.14	0	0.164	0.147	0.13	0	0
GAN	0	0.106	0	0.114	0.166	0	0	0.11	0.181	0.153	0.111	0.108	0.128	0.108	0	0
MRXSL	0	0	0.168	0.194	0	0.213	0.159	0.12	0	0	0	0	0.137	0	0	0.294
LOC643387	0.213	0.111	0.116	0	0.157	0	0	0.104	0.118	0.102	0.13	0	0.118	0.114	0	0
KIFAP3	0	0.154	0	0.434	0.147	0	0	0	0.208	0.179	0	0	0	0.16	0	0
SORL1	0.138	0.182	0.1	0	0.162	0	0	0.113	0.143	0.203	0	0	0.102	0.138	0	0
ENO2	0.109	0.164	0	0	0.292	0.132	0.125	0.13	0.177	0.152	0	0	0	0	0	0

SCN8A	0	0.117	0	0.113	0	0.194	0.144	0.104	0	0.265	0	0.126	0	0	0	0.213
DPYSL2	0.123	0.114	0.164	0	0.117	0	0	0	0.244	0.214	0.153	0	0	0.147	0	0
GRIK5	0	0.133	0	0	0	0.202	0.112	0.104	0	0.463	0.126	0	0	0.131	0	0
CLSTN3	0.119	0	0.151	0	0.186	0	0	0.113	0.399	0	0	0	0	0.302	0	0
GRIN3A	0	0	0.131	0	0.182	0	0.138	0.103	0.167	0.179	0.106	0	0.152	0.11	0	0
SGCE	0	0	0.139	0.117	0	0.18	0.148	0.105	0	0.127	0	0.145	0.119	0	0	0.187
LG12	0	0.14	0.115	0	0	0.176	0.162	0.138	0	0.114	0	0.164	0.108	0	0	0.15
NEFH	0	0.123	0	0.102	0.204	0	0	0	0.17	0.265	0.127	0.135	0	0.14	0	0
OTSC5	0.191	0	0.107	0.306	0	0	0	0	0.153	0.114	0	0.169	0.224	0	0	0
PAND1	0	0	0.122	0	0.196	0	0	0.107	0.347	0.179	0	0	0.107	0	0	0.204
RBFOX3	0	0.12	0.121	0	0	0.137	0.155	0.115	0.116	0.186	0.171	0	0	0.139	0	0
GPRASP2	0	0	0.116	0	0	0.121	0.149	0.101	0	0	0.15	0	0.141	0.208	0.136	0.137
NEFL	0	0.129	0	0.102	0.174	0	0	0.104	0.188	0.161	0.151	0.132	0	0.117	0	0
CALHM2	0.117	0.125	0.13	0	0.135	0	0	0.106	0.191	0.111	0	0	0.202	0.137	0	0
SLC17A7	0	0.103	0.125	0	0.215	0.164	0.125	0.244	0	0.138	0	0	0.139	0	0	0
MARCH5	0	0.124	0	0.416	0.154	0	0	0	0.247	0	0.134	0	0	0.177	0	0
CAPN7	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0.123	0	0.542	0	0	0.103	0.324	0
GRIA1	0	0.105	0.133	0	0	0.372	0.144	0	0	0.15	0.146	0	0	0	0	0.201
BHLHB9	0	0.106	0.108	0	0.224	0	0	0.13	0.198	0.167	0.105	0	0.102	0.111	0	0
GRM2	0	0.144	0.108	0	0	0.117	0.107	0.117	0	0.279	0.11	0	0.143	0.126	0	0
KMO	0	0	0.134	0	0.204	0	0	0.103	0.329	0	0.114	0	0	0.132	0.234	0
ZFP64	0.106	0.35	0	0	0.257	0	0	0.102	0.19	0.244	0	0	0	0	0	0
SERF1A	0	0.15	0	0.113	0.174	0	0	0.106	0.161	0.2	0.129	0	0	0.107	0.108	0
DCAF17	0	0	0.118	0.19	0	0.196	0.154	0.151	0	0	0	0.123	0.172	0	0	0.144
AIF1	0.127	0.109	0	0	0.296	0	0	0.14	0.305	0.15	0	0	0	0.119	0	0
SEZ6	0	0	0.123	0	0	0.221	0.157	0.1	0	0.129	0	0	0.101	0.174	0	0.237
PSEN2	0.142	0	0.113	0	0.174	0	0	0.153	0.342	0	0	0	0.129	0.185	0	0
DNMBP	0	0	0.101	0	0.157	0	0	0.102	0.503	0	0	0	0.143	0.23	0	0
IBM3	0	0.16	0	0.1	0.187	0	0	0	0.1	0.292	0	0.13	0	0	0	0.265
DYX5	0	0	0.107	0	0.168	0	0	0.153	0.267	0.114	0	0	0.138	0	0	0.286
GRM1	0	0.123	0.227	0	0	0.149	0.145	0.102	0	0.166	0.209	0	0	0.111	0	0
GRN	0.115	0.125	0.125	0	0.171	0	0	0.104	0.169	0.168	0	0	0.142	0.111	0	0
INA	0	0.103	0	0.113	0.181	0	0	0.112	0.158	0.114	0.221	0.122	0	0.105	0	0
GRIA3	0	0.181	0	0	0	0.204	0.132	0.114	0	0.17	0.114	0	0	0.118	0	0.196
CNTF	0	0.137	0	0.112	0.153	0	0	0	0.149	0.236	0.118	0.21	0	0.113	0	0
OPTN	0	0.132	0	0.403	0.158	0	0	0	0.1	0	0.231	0.101	0	0	0.101	0
SNCA	0	0	0	0	0.189	0	0	0.101	0.231	0.231	0.232	0	0	0.13	0.111	0
AD5	0.111	0.172	0.116	0	0.175	0	0	0.109	0.129	0.176	0	0	0.103	0.133	0	0
MIR659	0.107	0.167	0.12	0	0.137	0	0	0.104	0.168	0.111	0	0	0.195	0.115	0	0
CHRNA4	0	0	0.103	0	0.169	0.178	0	0.123	0.193	0.115	0	0	0.118	0	0	0.223
HMSN0	0	0.144	0	0.424	0	0	0	0	0.149	0.23	0	0.141	0.134	0	0	0

CNTN5	0	0.145	0.138	0.239	0.185	0.113	0	0.137	0	0.158	0	0	0.107	0	0	0
MIR29B2	0.151	0.218	0	0	0.26	0	0	0.114	0.147	0.204	0	0	0	0.126	0	0
SQSTM1	0	0.119	0	0	0.134	0	0	0.121	0.217	0.251	0.184	0	0	0.194	0	0
DBN1	0	0.366	0.101	0	0.217	0	0	0.113	0.135	0.158	0	0	0.13	0	0	0
LGI4	0	0.156	0	0.103	0	0.194	0.144	0.133	0	0.127	0	0.132	0	0	0	0.23
PCDH19	0	0	0.148	0	0	0.136	0.153	0.116	0	0.155	0	0.22	0.134	0	0	0.152
LTN1	0	0.121	0	0.102	0.138	0	0	0.107	0.196	0.144	0.126	0.15	0	0.129	0	0
MRT10	0	0	0.267	0	0	0.129	0.125	0.104	0	0.353	0	0.11	0.124	0	0	0
EFHC1	0	0.113	0.111	0	0	0.129	0.145	0.118	0.116	0.138	0	0	0.151	0	0	0.189
MAPK10	0	0	0.135	0	0.175	0	0.146	0.103	0.199	0.182	0.138	0	0	0.132	0	0
RTN3	0	0.109	0.117	0	0.215	0	0	0.113	0.146	0.136	0.12	0	0.146	0.106	0	0
MAPK8IP1	0.127	0	0	0	0.341	0	0	0.104	0.359	0	0.129	0	0	0.148	0	0
PNPLA6	0	0.147	0	0.102	0.151	0	0	0.104	0.2	0.132	0.115	0.119	0	0.138	0	0
HMNJ	0	0.105	0.109	0.238	0.215	0	0	0	0.121	0.165	0	0.116	0.136	0	0	0
GABBR1	0	0.103	0.124	0	0	0.396	0.162	0.123	0	0.129	0	0	0.167	0	0	0
TRBV5-2	0	0.145	0	0	0.145	0	0.101	0.107	0.208	0	0.153	0	0	0.11	0.234	0
MAB21L1	0	0	0.112	0	0.199	0	0	0.124	0	0	0.129	0	0.105	0.131	0.135	0.266
SLITRK1	0	0.105	0.104	0.273	0	0	0	0.241	0	0	0	0.116	0.138	0	0	0.223
GALC	0	0.164	0	0.114	0.215	0	0	0	0	0.149	0	0.183	0.169	0.206	0	0
C21ORF2	0.106	0	0.109	0	0.209	0	0.133	0.103	0.116	0.211	0	0	0.105	0.108	0	0
BAG5	0	0	0	0	0.172	0	0	0	0.162	0	0.256	0	0	0.106	0.296	0.204
SLC7A11	0	0.107	0	0	0.198	0	0	0.122	0.102	0.257	0.295	0	0	0.114	0	0
NS2	0	0	0.139	0.193	0	0.281	0.15	0	0	0	0	0.145	0.159	0	0	0.128
TFAM	0	0	0	0	0.29	0	0	0.109	0.144	0	0.111	0	0	0.109	0.105	0.326
GCDH	0	0	0.156	0	0.175	0	0.197	0.114	0.174	0	0.114	0	0.148	0.115	0	0
SPG12	0	0.2	0	0.102	0	0	0.127	0	0.258	0.209	0	0.103	0.191	0	0	0
RNF182	0	0.101	0.134	0	0.214	0	0	0.101	0.209	0.22	0	0	0.1	0.109	0	0
CPLX4	0	0	0.113	0	0	0.204	0	0	0	0.176	0.168	0.103	0.171	0.133	0.119	0
HECW1	0.158	0.104	0	0.101	0.151	0	0	0	0.236	0.202	0.126	0	0	0.109	0	0
USPL1	0	0.118	0	0.421	0.146	0	0	0	0.153	0.192	0	0	0	0.154	0	0
SYP	0	0	0.134	0	0.147	0.381	0	0.122	0	0.129	0	0	0.17	0.1	0	0
SIGMAR1	0	0.125	0.158	0	0.21	0	0	0.106	0.138	0.163	0.114	0	0	0.168	0	0
APBB3	0.164	0	0.167	0	0.187	0	0	0.102	0.284	0	0	0	0	0.276	0	0
AIC	0	0	0.168	0	0	0.177	0.234	0	0	0	0	0	0.487	0	0	0.113
HSPB8	0	0.14	0	0.113	0.168	0	0	0	0.165	0.195	0.14	0.15	0	0.107	0	0
FHDC1	0.133	0.108	0	0	0.258	0	0	0.111	0.442	0.126	0	0	0	0	0	0
BPPV	0	0	0	0.185	0	0.281	0.107	0	0	0.15	0	0.117	0.113	0	0	0.224
CTXN1	0	0.113	0	0	0.231	0.134	0	0.119	0.186	0.102	0	0	0	0.106	0	0.184
THAP1	0	0	0.103	0.204	0.122	0	0.104	0.106	0.159	0	0	0.115	0.112	0	0	0.148
UBAP2	0.125	0.188	0.124	0	0.183	0	0	0.104	0.203	0.114	0	0	0	0.131	0	0
TRIM65	0	0.125	0.118	0	0.118	0	0	0.124	0.367	0.113	0	0	0.101	0	0.103	0

BCYRN1	0	0	0.106	0	0.197	0	0	0.128	0.378	0.147	0	0	0.104	0.109	0	0
KRIT1	0	0.113	0	0	0	0.205	0.145	0.103	0.115	0	0	0.12	0.17	0	0	0.197
KCNQ2	0	0	0	0	0	0.191	0.112	0.125	0	0.199	0	0.2	0.164	0	0	0.176
MRT8	0	0	0.122	0	0	0.155	0.127	0.147	0	0.39	0	0.113	0.113	0	0	0
USP14	0	0	0.108	0	0.179	0.178	0	0.122	0.166	0.122	0.187	0	0	0.103	0	0
HMN7A	0	0.124	0	0.403	0	0	0	0	0.154	0.147	0.152	0.185	0	0	0	0
SCZD1	0.101	0	0.139	0	0.183	0	0	0	0.132	0.241	0	0	0.116	0	0	0.252
KCNIP3	0	0	0.116	0	0.175	0.114	0	0.138	0.181	0.145	0.174	0	0	0.121	0	0
UBQLN2	0.166	0.174	0	0	0.146	0	0	0.117	0.196	0	0.26	0	0	0.104	0	0
KIAA0196	0	0.151	0	0.112	0.16	0	0	0.104	0.303	0	0.128	0.103	0	0.101	0	0
SCAX3	0	0	0	0	0.143	0	0	0.106	0	0.528	0.144	0	0	0	0	0.241
CNTNAP2	0	0	0.104	0.117	0	0.194	0.139	0.126	0	0	0	0.109	0.17	0	0	0.202
CKB	0	0	0	0	0.162	0	0.16	0.12	0	0.237	0.115	0	0	0.103	0.263	0
VSNL1	0	0.105	0.12	0	0.165	0.174	0	0.134	0.101	0.132	0	0	0.112	0.117	0	0
AAAS	0	0	0.111	0.117	0.225	0	0.104	0.107	0.123	0.158	0	0.112	0.103	0	0	0
PTX4	0	0	0.185	0	0.193	0.178	0	0.123	0	0	0	0	0.48	0	0	0
GTSCR1	0	0	0.178	0.198	0	0.278	0.159	0.114	0	0	0	0	0.129	0	0	0.102
TAGLN3	0	0	0.155	0	0.197	0.134	0	0.138	0.202	0.187	0	0	0.145	0	0	0
MYP12	0	0	0.42	0	0.207	0	0	0	0.175	0.249	0	0	0.107	0	0	0
FGF20	0	0	0	0	0.285	0	0	0.127	0.148	0.233	0	0	0	0.148	0.217	0
RLS	0	0	0.164	0.117	0	0.15	0	0	0	0.127	0.151	0.113	0.16	0	0	0.175
CHAT	0	0.124	0.116	0	0.214	0	0	0.107	0.194	0.164	0	0	0.129	0.109	0	0
EMX1	0	0.117	0.127	0	0	0.117	0.166	0.118	0	0.137	0.13	0	0.127	0	0.116	0
SLC6A3	0	0	0.145	0	0.278	0	0	0	0	0.127	0	0	0	0	0	0.603
PSMA2L	0	0.119	0	0.113	0.174	0	0	0.106	0.116	0.164	0.1	0.125	0	0.136	0	0
PARK10	0	0.116	0	0	0.198	0	0	0.114	0.248	0.184	0	0	0	0.106	0	0.186
MANF	0	0.125	0	0	0.103	0	0.106	0.113	0.296	0.13	0.141	0	0	0.138	0	0
IGHMBP2	0	0.125	0	0.112	0.189	0	0	0.125	0.166	0.157	0	0.108	0	0.165	0	0
KCNN3	0	0	0.121	0	0	0.12	0	0.102	0	0	0.11	0	0.119	0	0.214	0.361
GBA	0	0	0.118	0	0.169	0	0	0.136	0.256	0.225	0	0	0.107	0.134	0	0
C10ORF112	0	0	0.455	0	0.235	0	0	0.103	0.189	0	0	0	0	0.163	0	0
TAAR7P	0	0	0.105	0	0.169	0	0	0.116	0.201	0	0.106	0	0	0.113	0.105	0.229
EPPS	0	0	0.129	0	0	0.176	0.152	0.131	0	0.216	0	0.105	0.102	0	0	0.133
SCN1A	0	0	0.106	0	0	0.17	0.169	0.117	0	0.212	0	0.112	0.147	0	0	0.11
ENUR1	0	0	0.119	0.193	0	0.279	0.152	0	0	0	0	0.11	0.155	0	0	0.134
RNF146	0	0.122	0.116	0	0.21	0	0	0.134	0.213	0	0	0	0	0.345	0	0
GAPDH	0	0.139	0	0	0.17	0	0	0	0.113	0	0.3	0	0	0.111	0.306	0
ADNP2	0	0	0.128	0	0.204	0	0	0.135	0.235	0	0.218	0	0.104	0.115	0	0
AUTS3	0.244	0	0.144	0	0.184	0.167	0.126	0.165	0	0	0	0	0.109	0	0	0
TIMM8AP1	0	0	0.184	0.117	0	0.125	0.169	0.114	0	0	0	0.122	0.104	0	0	0.203
NOVA1	0	0.151	0.103	0	0	0.364	0	0.142	0.13	0	0	0	0	0	0	0.247

LGMD1H	0	0.152	0	0.102	0.256	0	0	0	0.174	0.198	0	0.101	0.151	0	0	0
CST3	0	0.115	0	0	0.144	0.168	0.124	0.127	0.14	0.203	0	0	0	0.111	0	0
CELF3	0	0	0	0	0.11	0	0	0.12	0.21	0	0.113	0	0	0.106	0.24	0.232
MGR2	0	0	0.124	0	0	0.218	0.102	0.202	0.178	0	0	0	0.112	0	0	0.195
LIX1	0	0.129	0	0.113	0.209	0	0	0.106	0.13	0.195	0	0.124	0	0.125	0	0
HPCA	0	0.138	0	0	0	0.201	0	0.117	0	0.205	0.107	0	0	0.102	0.26	0
ND5	0	0	0	0.165	0.3	0	0.145	0	0.165	0	0	0.106	0.131	0.116	0	0
ATOD3	0	0	0.246	0	0.285	0	0	0.107	0.36	0	0	0	0	0.129	0	0
TRAK2	0	0.102	0	0.407	0	0.157	0.163	0	0	0	0.163	0	0	0.134	0	0
MIR107	0.104	0	0.123	0	0.186	0	0	0.128	0.339	0	0	0	0	0.246	0	0
TM2D3	0	0.108	0.13	0	0.208	0	0	0.14	0.108	0.32	0	0	0	0.111	0	0
SPG37	0	0.105	0	0.429	0	0	0	0	0.139	0.139	0	0.158	0.152	0	0	0
ASPG1	0.172	0	0.115	0	0	0.364	0.169	0.158	0	0	0	0	0.144	0	0	0
ALDH18A1	0	0	0.109	0	0.169	0	0.109	0.103	0.218	0	0	0	0.121	0.104	0	0.188
DNAI1	0	0.172	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0.161	0	0.209	0.319
FAM155A	0.13	0	0.136	0	0.183	0	0	0.113	0.113	0	0.127	0	0.1	0	0.215	0
CTSD	0	0	0	0	0.166	0	0	0.138	0.187	0.466	0	0	0	0.16	0	0
NYS2	0	0	0.12	0.19	0	0.104	0.156	0	0	0.14	0	0.125	0.11	0	0	0.17
VAPB	0	0.138	0	0.102	0.172	0	0	0.127	0.184	0.157	0.115	0	0	0.119	0	0
GABRB3	0	0	0.129	0	0	0.136	0.127	0.202	0	0.161	0	0	0.114	0	0	0.243
NAGLU	0	0	0.176	0	0.203	0	0	0.128	0.157	0.177	0	0	0.117	0.152	0	0
DAOA	0	0	0.139	0	0.195	0	0	0	0.166	0.107	0	0	0.177	0	0	0.325
PABPN1	0	0.124	0	0.1	0.194	0	0	0	0.1	0	0.217	0	0	0.101	0.273	0
IMP5	0.102	0.102	0.111	0	0.161	0	0	0.11	0.216	0.11	0	0	0	0.194	0	0
MT3	0	0.131	0.23	0	0.222	0	0	0	0.174	0.243	0	0	0	0.106	0	0
LINGO1	0	0.168	0	0.103	0.255	0	0	0	0.165	0.13	0	0.117	0	0.167	0	0
GLRA1	0	0.147	0	0	0	0.202	0.136	0.172	0	0.218	0	0	0	0	0	0.227
MPPED2	0	0	0.136	0	0	0.118	0.145	0	0	0	0.109	0	0.251	0	0.342	0
CHRNA7	0	0	0.137	0	0.197	0.134	0	0.133	0.187	0.197	0	0	0.115	0	0	0
C7ORF25	0	0.145	0	0.113	0.188	0	0	0	0.15	0.211	0	0.153	0	0.138	0	0
GRID2	0	0	0.109	0	0	0.171	0.135	0	0	0.178	0	0	0.149	0.123	0	0.232
COX3	0	0	0	0.165	0.268	0	0.115	0	0.117	0	0	0.124	0	0.188	0.12	0
MAOB	0	0	0.133	0	0.171	0	0	0.135	0.194	0.111	0	0	0	0.134	0	0.218
TIMM8A	0	0	0.103	0.197	0	0	0.259	0.122	0	0	0	0.165	0.125	0.125	0	0
SYNDIG1L	0	0	0	0	0.172	0	0	0.109	0.119	0	0.312	0	0	0.112	0.27	0
RPS23	0.135	0	0.101	0	0.176	0	0	0.103	0.393	0	0	0	0	0.185	0	0
LOC653080	0	0.148	0	0.354	0.327	0	0	0	0.106	0.158	0	0	0	0	0	0
MRT9	0	0	0.114	0	0	0.259	0.125	0.118	0	0.159	0	0.146	0.168	0	0	0
GRIA2	0	0.22	0	0	0	0.156	0.112	0	0	0.179	0.133	0	0	0.131	0	0.156
BPTF	0	0.267	0	0	0.264	0	0	0.167	0.221	0	0	0	0	0.168	0	0
SCN2A	0	0	0	0.187	0	0.164	0.152	0.122	0	0	0	0.263	0	0	0	0.198

TMEM216	0	0	0.416	0	0	0.131	0.119	0	0	0.159	0	0.145	0.116	0	0	0
HTT	0	0	0.218	0	0.201	0	0	0	0.153	0	0.167	0	0.1	0.125	0.12	0
MAP1LC3A	0	0	0	0	0.243	0	0	0	0.118	0	0.213	0	0	0.177	0.333	0
SCZD13	0	0	0.102	0	0.23	0	0	0.114	0.173	0.218	0	0	0.109	0	0	0.137
KIAA1191	0	0	0	0	0.283	0	0	0.127	0.167	0	0.143	0	0	0.123	0.239	0
SLC25A15	0	0	0.177	0.192	0	0.147	0.154	0.106	0	0	0	0.172	0.134	0	0	0
FAM189A2	0	0	0	0.164	0	0.15	0.152	0	0	0	0.112	0.1	0	0.103	0.108	0.192
TACO1	0	0	0.112	0	0.122	0	0.115	0.103	0	0	0	0.173	0.138	0.125	0	0.193
MGR3	0	0.105	0	0	0	0.2	0.124	0.152	0.107	0.2	0	0	0	0	0	0.191
SAMHD1	0	0	0	0	0.172	0.148	0.16	0.226	0	0	0	0	0.141	0	0	0.231
MS4A6E	0	0	0.165	0	0.168	0	0	0.114	0.183	0	0	0	0.147	0.163	0.137	0
CDH19	0	0	0	0.503	0	0	0	0	0	0	0	0.574	0	0	0	0
TMEM132D	0	0.308	0.123	0	0.121	0	0	0.127	0.132	0.152	0	0	0.112	0	0	0
RAB39B	0	0	0.125	0	0	0.243	0.124	0.13	0	0	0	0	0.24	0	0	0.211
DURS1	0	0	0.284	0	0	0.17	0.142	0	0	0	0	0	0.152	0	0	0.325
DLST	0	0	0.119	0	0.179	0	0.102	0.103	0.184	0	0.125	0	0.115	0.145	0	0
PADI2	0	0.1	0	0	0.123	0	0	0.172	0.165	0.162	0.13	0	0	0.22	0	0
OTSC1	0	0	0.302	0.333	0	0	0	0	0	0.165	0	0.147	0.125	0	0	0
NTNG2	0	0	0.152	0	0	0.238	0.122	0.192	0	0.176	0	0	0.191	0	0	0
SPTBN4	0	0	0	0.156	0	0.15	0.144	0.106	0	0.103	0	0.164	0	0	0	0.246
PACRG	0	0.119	0	0	0.197	0	0	0	0.133	0.264	0	0	0	0.107	0	0.247
SRPX2	0	0	0.194	0	0	0.139	0.273	0.139	0	0	0	0	0.118	0	0	0.203
DHCR24	0.138	0	0.126	0	0.183	0	0	0.14	0.269	0	0	0	0.105	0.105	0	0
SPG45	0	0.134	0.106	0.27	0	0	0.105	0	0	0.214	0	0.118	0.119	0	0	0
GSM1	0	0	0.153	0.206	0	0	0	0	0.156	0.165	0	0.103	0.166	0	0	0.116
PRNT	0	0.132	0	0	0.198	0	0.124	0.101	0.244	0	0.149	0	0	0.116	0	0
ASD1	0	0	0.19	0	0	0.171	0	0	0.29	0	0	0.132	0.126	0	0	0.153
NGB	0	0.115	0	0	0.164	0	0.128	0.102	0.234	0.197	0	0	0	0.121	0	0
C9ORF72	0.125	0.106	0	0	0.26	0	0	0.118	0.147	0.15	0	0	0	0.155	0	0
SORT1	0.116	0.123	0	0	0.265	0	0	0	0.153	0.279	0	0	0	0.125	0	0
STUB1	0	0.118	0	0	0.203	0	0	0	0.177	0	0.435	0	0	0.125	0	0
MRT5	0	0	0.134	0	0	0.169	0.115	0.137	0	0.224	0	0.155	0.124	0	0	0
BDMR	0	0	0.189	0.194	0	0.124	0.14	0	0	0	0	0.101	0.165	0	0	0.143
EGI	0	0	0.126	0	0	0.129	0.11	0.202	0	0.196	0	0	0.129	0	0	0.164
GPM6A	0	0	0.105	0.207	0	0.216	0	0.141	0	0.278	0	0	0.108	0	0	0
PPR1	0	0	0	0	0	0.15	0.142	0.161	0	0.287	0	0	0	0	0	0.314
TRNF	0	0	0	0.155	0	0.198	0.164	0	0	0	0	0.108	0	0.185	0	0.243
ASTN1	0	0	0.107	0	0	0.211	0.145	0.101	0	0.26	0	0	0.128	0.101	0	0
FIG4	0	0.132	0	0.112	0.174	0	0	0.104	0.141	0.166	0	0.117	0	0.106	0	0
NECB3	0.137	0	0.188	0	0.182	0	0	0.113	0.292	0	0	0	0	0.14	0	0
HSP90AB2P	0	0.142	0	0	0.198	0	0	0.109	0.102	0	0.21	0	0	0.184	0.105	0

ANKK1	0	0	0.101	0	0.15	0	0	0	0.239	0.215	0	0	0.146	0	0	0.197
SGCZ	0	0	0	0.186	0	0.193	0.143	0.119	0	0.191	0	0	0	0	0	0.216
MPDMRS	0	0	0.11	0.194	0	0.213	0.158	0	0	0.135	0	0.117	0.12	0	0	0
IDE	0.222	0	0.117	0	0.185	0	0	0.127	0.227	0	0	0	0	0.169	0	0
SLC9A9	0	0	0.146	0	0.189	0	0	0.113	0.197	0	0.242	0	0.157	0	0	0
PQBP4	0	0	0	0	0.27	0	0	0	0.161	0	0.198	0	0	0.118	0.111	0.185
TRNA	0	0.108	0	0.113	0	0	0.127	0	0.279	0	0.106	0.194	0	0.113	0	0
SCZD6	0.112	0	0.164	0	0	0	0	0	0.157	0.165	0	0	0.116	0	0	0.325
DPH5	0	0.134	0	0.392	0	0	0	0	0	0	0.138	0	0	0.173	0.202	0
CACNG2	0	0	0.131	0	0	0.156	0.119	0.152	0	0.199	0	0	0	0	0	0.281
TBP	0	0	0	0	0.164	0	0	0	0.279	0	0.151	0	0	0.115	0.115	0.214
CNSN	0	0	0.123	0	0.17	0	0.15	0.131	0.192	0	0	0	0.156	0.115	0	0
NRN1	0	0.125	0.163	0.298	0	0	0	0	0	0.196	0	0.139	0.116	0	0	0
TTPA	0	0	0.104	0	0.204	0	0	0.118	0.192	0.19	0	0	0.111	0.118	0	0
PCP4	0	0	0.117	0	0	0.129	0	0.124	0	0.197	0.108	0	0	0.102	0.259	0
GRIK1	0	0.123	0.109	0	0	0.197	0.145	0.108	0	0.131	0.101	0	0	0.122	0	0
DCLK1	0	0	0.111	0	0	0.132	0.125	0.131	0	0.182	0.123	0	0.232	0	0	0
ACO2	0	0.218	0	0	0	0	0	0	0	0	0.212	0	0	0.12	0.106	0.379
COMT	0	0	0.176	0	0.138	0	0	0	0.234	0.194	0	0	0.158	0	0	0.135
GLRA3	0	0.116	0	0	0	0.202	0.136	0.124	0	0.13	0	0	0	0	0	0.327
TM2D2	0.104	0.1	0.1	0	0.116	0	0	0.104	0.16	0.108	0	0	0.114	0.125	0	0
CMTX3	0	0.115	0	0.405	0	0	0.12	0	0	0.155	0	0.104	0.131	0	0	0
CC2D2A	0	0	0.118	0	0	0.129	0.105	0	0	0.105	0	0.147	0.113	0	0	0.312
CSE	0	0	0	0.117	0	0.171	0.142	0.101	0	0	0.199	0.123	0	0	0	0.176
TNR	0	0.109	0.13	0	0	0.358	0.141	0	0	0.184	0	0	0.107	0	0	0
HTR6	0	0	0.107	0	0.168	0	0	0.141	0.225	0.114	0	0	0.109	0	0	0.164
MRX28	0	0	0.482	0	0	0.136	0.216	0	0	0	0	0	0.194	0	0	0
MOB3B	0.119	0.109	0	0	0.252	0	0	0.103	0.328	0.117	0	0	0	0	0	0
CLU	0	0	0	0	0.159	0	0	0.109	0.272	0.238	0	0	0	0.137	0.111	0
BACE2	0.117	0	0.159	0	0.183	0	0	0.102	0.21	0	0	0	0.114	0.141	0	0
SMA4	0	0.13	0	0.399	0.183	0	0	0	0.1	0.112	0.102	0	0	0	0	0
ZNF699	0	0	0.173	0	0.19	0	0	0.11	0.166	0.262	0	0	0.123	0	0	0
SPRNP1	0	0.138	0	0	0.138	0	0.109	0.121	0.224	0	0.158	0	0	0.135	0	0
LYGE	0	0	0	0	0.156	0	0	0	0.215	0	0.246	0	0	0.106	0.115	0.183
APBA2	0.152	0	0.14	0	0.184	0	0	0.149	0.152	0	0	0	0.114	0.13	0	0
MGR	0	0.132	0	0	0	0.2	0.102	0.138	0.115	0.166	0	0	0	0	0	0.167
ATD	0	0	0.135	0.217	0	0	0.11	0	0	0.197	0	0.139	0.222	0	0	0
CCL2	0	0	0	0.277	0.467	0	0	0	0.276	0	0	0	0	0	0	0
DCX	0	0.139	0.106	0	0	0.176	0.145	0.104	0	0.124	0.12	0	0.105	0	0	0
FMR1	0.214	0	0.104	0	0.183	0	0.229	0.107	0	0	0	0	0.182	0	0	0
BSCL2	0	0.194	0	0.103	0	0	0.147	0	0.124	0.166	0	0.137	0.145	0	0	0

COHEN1	0.101	0	0.143	0.115	0	0.141	0.141	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0.236
NRGN	0	0	0.149	0	0	0.22	0.112	0.149	0	0.266	0	0	0.116	0	0	0
DDU	0	0	0	0.507	0	0	0	0	0	0	0	0.164	0	0	0	0.34
TUBB2A	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0.271	0	0	0.416	0.199	0
RSRC1	0	0.406	0.139	0	0	0	0	0	0.145	0.114	0	0	0.105	0	0.102	0
DFNA43	0	0	0.205	0.209	0	0	0	0	0	0.196	0	0.144	0.257	0	0	0
ECA1	0	0	0	0	0	0.339	0.222	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0.316
COX10	0	0	0	0.156	0.187	0	0.257	0	0	0	0	0.139	0.151	0.12	0	0
HTRA2	0.104	0.114	0	0	0.154	0	0	0.113	0.126	0.132	0.135	0	0	0.132	0	0
RAB7L1	0	0.201	0	0	0.161	0	0	0.126	0.161	0	0	0	0	0.144	0.216	0
NUB1	0	0	0	0	0.175	0	0	0	0.139	0.192	0.112	0	0	0.125	0.266	0
ARX	0	0	0.101	0	0	0.171	0.132	0.107	0	0.239	0	0	0.149	0	0	0.108
HPE6	0.145	0	0.113	0	0	0.12	0.162	0.129	0.216	0	0	0	0.121	0	0	0
VCP	0	0.121	0	0	0.156	0	0	0.123	0.166	0.197	0.128	0	0	0.113	0	0
VPS41	0	0	0	0	0.242	0	0	0	0.186	0	0.156	0	0	0.112	0.308	0
GRIN2C	0	0	0.14	0	0.197	0	0.107	0.114	0.173	0.139	0.134	0	0	0	0	0
SEZ6L2	0	0	0.125	0	0	0.172	0.151	0.195	0	0	0	0	0.135	0	0	0.225
VMD1	0	0	0	0.55	0	0	0	0	0	0.17	0.181	0	0	0	0.102	0
C7ORF57	0	0.103	0	0	0.138	0	0	0.131	0.17	0.165	0.18	0	0	0.116	0	0
CACNG3	0	0	0	0	0	0.123	0.149	0.125	0	0.314	0	0	0	0	0	0.291
TRIM2	0	0.112	0	0.112	0	0.194	0.165	0.103	0	0.203	0	0	0	0.113	0	0
ATG4B	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0.429	0	0	0.153	0.28	0
UBE4B	0	0.134	0	0.395	0	0	0	0	0.14	0	0.221	0	0	0.111	0	0
MA	0	0	0	0	0	0.191	0.131	0.125	0	0.181	0	0.134	0	0	0	0.238
NOS1	0	0.135	0	0	0.161	0	0.222	0	0.139	0	0.122	0	0	0	0	0.221
FGGY	0	0.103	0	0	0.175	0	0	0.121	0.107	0.348	0	0	0	0.144	0	0
TTR	0	0	0.113	0.192	0.176	0	0	0.112	0.127	0	0	0.134	0.144	0	0	0
NRSN1	0	0.101	0	0	0.196	0	0	0	0.171	0.216	0	0.164	0	0.149	0	0
CHRFAM7A	0	0	0.122	0	0.192	0	0	0.118	0.253	0.201	0	0	0.111	0	0	0
GRM7	0	0	0.134	0	0	0.158	0.111	0.137	0	0.247	0	0	0.21	0	0	0
AFF2	0.119	0	0.105	0	0	0.358	0.166	0.123	0	0	0	0	0.126	0	0	0
GRINL1A	0	0.112	0	0	0.198	0	0.112	0.138	0.126	0	0.163	0	0	0.147	0	0
BECN1	0	0	0	0	0.211	0	0	0	0.151	0	0.186	0	0	0.128	0.32	0
MRX31	0	0	0.45	0	0	0.169	0.127	0	0	0	0	0	0.25	0	0	0
MEHMO	0	0	0.104	0	0	0.231	0.118	0.118	0	0	0	0	0.154	0	0	0.269
NEUROD6	0	0	0.122	0	0	0.152	0.119	0.123	0	0.17	0.12	0	0.188	0	0	0
MRPL32	0	0.125	0	0.113	0.214	0	0	0	0.11	0.168	0	0.138	0	0.125	0	0
UBXN4	0	0.131	0	0	0.268	0	0	0.15	0.211	0	0.113	0	0	0.12	0	0
MAP2	0	0.125	0	0	0	0.202	0.143	0.114	0.18	0.123	0	0	0	0.106	0	0
MRX17	0	0	0.104	0.22	0	0.192	0.154	0	0	0	0	0	0.322	0	0	0
LOH19CR1	0	0	0	0.189	0	0.16	0.152	0	0	0	0	0	0.14	0.132	0	0.218

HCN1	0	0	0	0	0	0.192	0.125	0.183	0	0.166	0.137	0	0	0	0	0.184
SLC33A1	0	0	0	0.156	0.294	0	0	0.125	0.11	0	0	0.104	0	0.198	0	0
SCN9A	0	0	0	0.189	0	0.197	0.152	0.109	0	0	0	0.14	0	0	0	0.198
SLC6A9	0	0	0.101	0	0	0.167	0.102	0.127	0	0.182	0.117	0	0.189	0	0	0
CMDR	0	0	0	0.187	0.267	0	0	0	0.273	0	0	0.124	0.133	0	0	0
UBE2K	0	0	0	0	0.237	0	0	0	0.142	0	0.163	0	0	0.135	0.307	0
ERVW-4	0	0.139	0	0	0.138	0	0.113	0.101	0.166	0	0.175	0	0	0.151	0	0
MDD1	0	0.128	0.123	0	0.146	0	0	0.124	0.107	0.145	0	0	0.21	0	0	0
LOC728519	0	0.106	0	0.105	0.247	0	0	0	0.112	0.413	0	0	0	0	0	0
KIF24	0.125	0.11	0	0	0.258	0	0	0.119	0.102	0.268	0	0	0	0	0	0
SLC44A5	0	0.132	0	0.396	0.181	0	0	0.104	0.168	0	0	0	0	0	0	0
SCKL2	0	0	0.101	0	0	0.211	0.107	0	0	0	0	0.179	0.167	0	0	0.215
NPAS3	0	0	0.136	0	0	0.344	0	0.118	0	0.224	0	0	0.157	0	0	0
NEFM	0	0.103	0	0.395	0	0	0	0	0	0.197	0	0.132	0	0.151	0	0
CHRNA6	0	0	0.134	0	0.192	0.179	0	0.123	0	0.227	0	0	0.121	0	0	0
SCAX4	0	0.12	0	0	0.145	0	0.109	0.125	0.204	0.13	0	0	0	0.141	0	0
HAR1A	0	0	0.13	0	0	0.233	0.12	0.134	0.128	0.229	0	0	0	0	0	0
AIMP2	0	0.156	0	0	0.198	0	0	0	0.153	0	0.176	0	0	0.134	0	0.156
TM4SF20	0	0	0.111	0	0	0.191	0.215	0.133	0	0	0	0	0.121	0	0	0.202
SPRN	0	0.15	0	0	0.198	0	0.148	0.1	0.162	0	0.107	0	0	0.108	0	0
FRAXE	0	0	0.39	0	0	0.206	0.139	0.111	0	0	0	0	0.126	0	0	0
SCGN	0.113	0	0	0	0.306	0	0	0.104	0.141	0.308	0	0	0	0	0	0
GABRB1	0	0	0	0	0	0.25	0.132	0.1	0	0.49	0	0	0	0	0	0
PTLAH	0	0	0.119	0.218	0	0	0	0	0	0.153	0	0.1	0.128	0	0	0.253
QPCT	0	0	0.11	0	0.195	0	0	0.14	0.277	0	0	0	0.106	0.139	0	0
FEB2	0	0	0	0	0	0.127	0.16	0.126	0	0.175	0	0.113	0	0	0	0.265
GRIA4	0	0.165	0	0	0	0.21	0.128	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0.301
APBB1	0.159	0	0.119	0	0.184	0	0	0.128	0.141	0	0	0	0.123	0.11	0	0
CCS	0.169	0.114	0	0	0.264	0	0	0	0.138	0.115	0	0	0	0.162	0	0
PSMC2	0	0	0	0	0.171	0	0	0.106	0.242	0	0.1	0	0	0.105	0.238	0
FMR3	0.105	0	0.358	0	0	0.136	0.15	0	0	0	0	0	0.213	0	0	0
TGM6	0	0	0	0	0.18	0	0.124	0.12	0	0	0.157	0	0	0.105	0.275	0
ARHGAP18	0	0.107	0.12	0	0	0	0	0	0.107	0.392	0	0	0.132	0	0.103	0
PSMC5	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0.103	0	0.31	0	0	0.117	0.313	0
SUSD1	0.171	0.119	0	0	0.143	0	0	0.102	0.147	0.13	0	0	0	0.148	0	0
MYP13	0	0	0	0.561	0	0	0	0	0	0.112	0	0.158	0.129	0	0	0
KIAA1267	0.224	0.126	0	0	0.143	0	0	0.141	0.102	0	0.119	0	0	0.103	0	0
GLRB	0	0.108	0	0	0	0.205	0.141	0.131	0	0.169	0	0	0	0	0	0.203
DOPEY2	0	0	0.135	0	0	0.173	0.147	0.11	0	0.25	0	0	0.141	0	0	0
MRX1	0	0	0.202	0	0	0.167	0.167	0	0	0	0	0	0.419	0	0	0
ZLS	0	0	0.137	0	0	0.141	0.296	0	0	0	0	0	0.207	0	0	0.173

ECE2	0	0	0.106	0	0.169	0	0	0.102	0.111	0.15	0	0	0.199	0.116	0	0
ADCK3	0	0	0	0.184	0	0	0.201	0	0	0	0	0.128	0	0.145	0	0.292
MCS	0	0	0.13	0.223	0	0.141	0.148	0	0	0	0	0	0.307	0	0	0
FLAD1	0.13	0.118	0	0	0.261	0	0	0.114	0.102	0	0.109	0	0	0.115	0	0
UQCRQ	0	0	0	0	0.221	0.179	0.14	0.264	0	0	0	0	0	0.144	0	0
ZNF592	0	0	0	0.155	0	0.14	0.143	0	0	0	0	0	0.223	0	0.103	0.183
DFNA41	0	0	0.115	0.105	0	0	0	0	0	0.342	0	0.273	0.112	0	0	0
TSPEAR	0	0.128	0	0.1	0	0.194	0.163	0.117	0	0	0	0.112	0	0	0	0.132
PITX3	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0.127	0.129	0	0.147	0.155	0.121	0.151
PCMT1	0.182	0	0.101	0	0.174	0	0	0.104	0.165	0	0	0	0.111	0.108	0	0
PIN1	0.113	0.185	0	0	0.258	0	0	0.101	0.147	0	0	0	0	0.141	0	0
ABAT	0	0	0.105	0	0	0.233	0.116	0.136	0	0.254	0	0	0.101	0	0	0
SPG26	0	0.14	0	0.347	0	0	0	0	0.123	0.18	0	0.155	0	0	0	0
BEND2	0	0	0.171	0	0	0.175	0.111	0.144	0	0	0	0	0.134	0	0	0.21
SCN2B	0	0	0	0	0	0.197	0.202	0.11	0	0	0	0.298	0	0	0	0.138
SNCG	0	0	0	0	0.19	0	0	0.107	0.203	0.214	0	0	0	0.12	0.111	0
SOD1	0.128	0.107	0	0	0.238	0	0	0	0.219	0	0.143	0	0	0.11	0	0
SCRG1	0	0.154	0	0	0.161	0	0.108	0.139	0.17	0.107	0	0	0	0.105	0	0
LI5	0	0	0	0.206	0	0	0	0	0	0	0	0.4	0.131	0	0.207	0
LINGO2	0	0.134	0	0	0.255	0	0	0.115	0.244	0	0	0	0	0.196	0	0
GOLGA8F	0.123	0	0.33	0	0	0.142	0.169	0	0	0	0	0	0.179	0	0	0
SURF1	0	0	0	0.305	0	0	0.135	0	0	0	0	0.145	0	0.358	0	0
GPR88	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0	0.125	0.106	0	0.122	0.147	0.134	0.196
DRD5P1	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0.136	0.137	0	0	0.101	0.24	0.191
APH1B	0.11	0	0.125	0	0.188	0	0	0.111	0.275	0	0	0	0	0.132	0	0
SHISA9	0	0.147	0.185	0	0	0.23	0.141	0.127	0	0	0	0	0.111	0	0	0
CHGB	0	0.131	0	0	0.197	0	0	0.126	0.244	0.122	0	0	0	0.12	0	0
UBE2D4	0	0	0	0	0.197	0	0	0.135	0.126	0	0	0	0	0.482	0	0
JRK	0	0	0.125	0	0	0.135	0.136	0.104	0	0.163	0	0	0	0	0	0.275
SPG29	0	0.177	0	0.351	0	0	0.163	0	0	0	0	0.135	0.112	0	0	0
CTPL1	0	0	0	0.106	0.16	0	0	0	0.191	0.288	0	0.192	0	0	0	0
LARS2	0	0.176	0	0	0	0	0.178	0	0.349	0	0.108	0	0	0.122	0	0
ASPG3	0.108	0	0.123	0	0	0.335	0.146	0.104	0	0	0	0	0.116	0	0	0
GJD2	0	0.21	0	0.1	0	0.153	0.165	0.139	0	0.165	0	0	0	0	0	0
MS4A4A	0	0	0.112	0	0.139	0	0	0.128	0.158	0	0	0	0.127	0.13	0.137	0
SERF1B	0	0.192	0	0.101	0.159	0	0	0	0.106	0.144	0	0	0	0.229	0	0
C9ORF4	0	0.1	0	0	0.198	0.247	0.147	0.122	0.117	0	0	0	0	0	0	0
GABRA5	0	0	0.114	0	0	0.198	0.125	0.148	0	0.235	0	0	0.111	0	0	0
CACNA1A	0	0	0	0	0	0.195	0.125	0.13	0	0.116	0	0	0	0.146	0	0.218
PSMC1	0	0	0	0	0.171	0	0	0.163	0.141	0	0.108	0	0	0.112	0.235	0
PABPC1P2	0	0	0	0.269	0	0	0	0	0.119	0	0.439	0	0	0	0.103	0

SYN2	0	0	0.129	0	0	0.152	0.141	0.171	0	0.22	0	0	0.116	0	0	0
ZBTB11	0.138	0.125	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0.428	0	0	0	0.113	0
MRX50	0	0	0.107	0	0	0.166	0.164	0	0	0	0	0	0.49	0	0	0
AUT55	0.113	0	0.124	0	0	0.178	0.152	0	0	0	0	0	0.36	0	0	0
KCNMB3P1	0	0	0	0	0	0.195	0.116	0.123	0	0	0.192	0	0	0	0	0.3
IMMP2L	0	0	0.196	0	0	0.174	0.133	0	0	0	0	0	0.196	0	0	0.226
IL6	0	0	0	0	0.13	0	0.125	0	0.448	0	0	0	0	0	0	0.222
METTL2A	0.103	0	0.137	0	0.185	0	0	0.127	0.202	0	0	0	0	0.17	0	0
PCBP3	0.124	0.144	0	0	0.257	0	0	0.137	0.147	0	0	0	0	0.115	0	0
WWC1	0	0	0.125	0	0.161	0	0	0.109	0.247	0.173	0	0	0.109	0	0	0
PTOS1	0	0	0.169	0.342	0	0	0	0	0	0.16	0	0.147	0.105	0	0	0
GUST	0	0	0.188	0	0	0.188	0.119	0.121	0	0.152	0	0	0.155	0	0	0
CH25H	0.113	0	0.125	0	0.188	0	0	0.112	0.269	0	0	0	0	0.115	0	0
MRT12	0	0	0.122	0	0	0.129	0.133	0.121	0	0.174	0	0.117	0.125	0	0	0
APH1A	0.428	0	0	0	0.174	0	0	0.102	0.113	0	0	0	0	0.103	0	0
FRAXA	0	0	0.177	0	0.121	0	0.102	0.131	0	0	0.141	0	0.131	0	0.116	0
SPTBN2	0	0.116	0	0	0	0.202	0	0	0	0.109	0.127	0	0	0.103	0.261	0
HPCAL1	0	0	0.115	0	0.168	0	0	0.106	0.106	0.172	0	0	0.107	0.144	0	0
SLC1A6	0	0.121	0	0	0	0.201	0.128	0.112	0	0.132	0.106	0	0	0.118	0	0
TUBA1C	0	0	0	0.129	0.345	0	0	0	0.444	0	0	0	0	0	0	0
C9ORF11	0.147	0.103	0	0	0.153	0	0	0.116	0.102	0.15	0	0	0	0.145	0	0
FSHMD1B	0	0.125	0	0.104	0.248	0	0	0.174	0.15	0	0.115	0	0	0	0	0
UBE2L1	0	0	0	0	0.14	0	0	0.197	0.128	0	0	0	0	0.45	0	0
GABRA6	0	0	0	0	0	0.198	0.14	0.108	0	0.222	0	0	0	0	0	0.244
ANIB3	0	0	0	0.107	0.535	0	0	0	0.165	0	0	0.105	0	0	0	0
SEPT1	0	0	0	0	0.532	0	0	0.127	0.251	0	0	0	0	0	0	0
SCZD7	0	0	0.135	0	0	0	0	0	0.207	0.222	0	0	0.161	0	0	0.184
ABCA2	0	0	0	0.118	0.201	0	0	0.105	0.166	0.176	0	0	0	0.142	0	0
MME	0	0	0.105	0	0.194	0	0	0.111	0.382	0.116	0	0	0	0	0	0
TOMM40	0.109	0	0.145	0	0.174	0	0	0.101	0.175	0	0	0	0.102	0.102	0	0
MRX65	0	0	0.111	0.218	0	0.215	0.161	0	0	0	0	0	0.201	0	0	0
VGF	0	0.102	0	0	0.156	0	0	0.109	0.102	0.289	0	0	0	0.148	0	0
LPPR4	0	0	0.208	0	0	0.196	0.154	0.123	0	0.109	0	0	0.116	0	0	0
EEF1A2	0	0.118	0	0	0.269	0	0	0.121	0.107	0.187	0	0	0	0.103	0	0
GABRA2	0	0.114	0.13	0	0	0.121	0.144	0.123	0	0.273	0	0	0	0	0	0
ALDOC	0	0.111	0	0	0	0.122	0.142	0.172	0	0.222	0	0	0	0.135	0	0
FRMD7	0	0	0	0.189	0	0.119	0.153	0	0	0	0	0.143	0.111	0	0	0.188
HCA1	0.129	0	0.335	0	0	0.136	0.169	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0
CRBN	0	0	0.105	0	0	0.197	0.138	0.151	0	0	0	0	0.109	0	0	0.202
GTS	0	0	0.112	0.116	0	0.16	0	0	0	0	0	0.243	0.125	0	0	0.145
ZC3H15	0	0	0	0	0.128	0	0	0.381	0.278	0	0	0	0	0.114	0	0

APBA3	0.297	0	0	0	0.184	0	0	0.104	0.172	0	0	0	0	0.143	0	0
SCZD10	0.103	0	0.355	0	0	0	0	0	0.206	0.122	0	0	0.114	0	0	0
DGCR	0	0	0.209	0	0.191	0.132	0.125	0.129	0	0	0	0	0.113	0	0	0
USP31	0	0	0	0	0.152	0	0	0	0.149	0	0.263	0	0	0.178	0	0.156
RAB3GAP2	0	0	0.138	0.216	0	0.17	0.147	0	0	0	0	0	0.124	0	0.102	0
ALDH5A1	0	0	0.125	0	0	0.129	0.134	0.134	0	0.126	0	0	0.125	0.124	0	0
SYNPR	0	0	0.156	0	0.189	0.132	0	0.133	0	0	0	0	0.184	0.103	0	0
MRT11	0	0	0.111	0	0	0.129	0.15	0.137	0	0.142	0	0.103	0.125	0	0	0
MSD	0.134	0	0.123	0	0	0.189	0.157	0.143	0	0	0	0	0.151	0	0	0
MHAC	0.105	0	0.156	0	0	0.142	0	0	0	0	0	0.119	0.167	0	0	0.207
LCS1	0	0	0.101	0.216	0	0.198	0.152	0	0	0	0	0.102	0.127	0	0	0
ANKS1B	0.257	0.11	0	0	0.272	0	0	0.123	0.134	0	0	0	0	0	0	0
BEAN1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.241	0	0	0.136	0.205	0.314
SCN3A	0	0	0	0	0	0.197	0.244	0.123	0	0	0	0.146	0	0	0	0.184
PPR3	0	0	0	0	0	0.198	0.112	0.16	0	0.2	0	0	0	0	0	0.223
KLK6	0	0.122	0	0	0.204	0	0	0.106	0.175	0	0	0	0	0.284	0	0
CHMP4B	0	0	0	0	0.224	0	0	0.221	0.333	0	0	0	0	0.112	0	0
GAL	0	0.112	0.1	0	0.166	0	0	0.108	0.14	0.126	0	0	0.138	0	0	0
ANKRD11	0	0	0.203	0	0	0.152	0.208	0	0	0	0	0	0.198	0	0	0.129
APLP2	0.113	0	0.132	0	0.128	0	0	0.103	0.304	0	0	0	0	0.109	0	0
ZNF804A	0	0	0.121	0	0.189	0	0	0.101	0.245	0.127	0	0	0.105	0	0	0
CACNG4	0	0	0	0	0	0.323	0.131	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0.326
LDHD	0	0	0	0	0.188	0	0.163	0.12	0.142	0	0.155	0	0	0.119	0	0
CLSTN1	0.116	0	0.129	0	0.173	0	0	0.155	0.202	0	0	0	0	0.112	0	0
GRM8	0	0	0.151	0	0	0.188	0.142	0.117	0	0.175	0	0	0.114	0	0	0
SFXN5	0	0	0	0	0.215	0	0	0	0.139	0	0.132	0	0	0.218	0	0.181
SULT4A1	0	0	0.105	0	0.125	0	0	0.141	0.244	0	0	0	0.142	0	0	0.127
MARK4	0	0	0	0	0.229	0	0	0.263	0.163	0	0	0	0	0	0	0.229
MCOLN1	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0.162	0.146	0	0.185	0.13	0.11	0	0
MFN2	0	0	0	0.19	0	0	0	0	0	0	0	0.271	0	0.128	0	0.292
GRID1	0	0	0.185	0	0	0.18	0.212	0	0	0.202	0	0	0	0.101	0	0
GRM3	0	0.124	0.101	0	0	0.14	0.162	0.116	0	0.135	0	0	0.101	0	0	0
DCTN5	0	0.416	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0.223	0	0	0	0.113	0
DYX8	0.129	0	0.117	0	0	0	0	0	0.203	0.285	0	0	0.144	0	0	0
SPG24	0	0.113	0	0.362	0	0	0	0	0	0.122	0	0.157	0.123	0	0	0
PANK3	0	0	0	0	0.236	0	0	0	0.184	0	0.136	0	0	0.165	0	0.155
ANMA	0	0	0.101	0.221	0	0.215	0.152	0	0	0	0	0	0.187	0	0	0
TUKLS	0	0	0.145	0.116	0	0	0	0	0	0.199	0	0.201	0.101	0	0	0.114
TBCB	0	0.112	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0.37	0.12	0
DFNA7	0	0	0.345	0.116	0	0	0	0	0	0.15	0	0.134	0.131	0	0	0
WBSCR2	0	0	0.229	0	0	0.149	0.175	0.103	0	0	0	0	0.22	0	0	0

<i>DDO</i>	0	0	0.221	0	0.247	0	0	0	0.184	0	0.114	0	0.109	0	0	0
<i>LSAMP</i>	0.125	0	0.125	0	0	0.155	0	0.131	0	0.144	0	0	0.194	0	0	0
<i>APLP1</i>	0.12	0	0.149	0	0.188	0	0	0.109	0.194	0	0	0	0	0.111	0	0
<i>ADAM22</i>	0	0.105	0	0.358	0	0.138	0.163	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0
<i>CDKL4</i>	0	0	0.146	0	0	0.127	0.136	0.14	0	0	0	0	0.119	0	0	0.202
<i>RCAN1</i>	0.131	0	0.103	0	0.183	0	0	0	0	0	0.107	0	0.113	0.125	0.108	0
<i>LRTOMT</i>	0	0	0.112	0.214	0	0	0	0	0	0.291	0	0.121	0.132	0	0	0
<i>OPA6</i>	0	0.111	0	0.101	0	0	0.147	0	0	0.184	0	0.107	0.104	0.116	0	0
<i>CHRN2</i>	0	0	0.114	0	0.192	0.134	0	0.135	0	0.186	0	0	0.109	0	0	0
<i>ZDHH17</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.248	0	0	0.146	0.202	0.273
<i>GABRA1</i>	0	0.184	0	0	0	0.205	0.2	0.108	0	0.172	0	0	0	0	0	0
<i>EIM2</i>	0	0	0.106	0	0	0.147	0.116	0.107	0	0.107	0	0	0.146	0	0	0.138
<i>ASPM</i>	0	0	0.143	0	0	0.114	0.114	0.203	0	0.191	0	0	0.101	0	0	0
<i>LRRTM3</i>	0	0	0.125	0	0.171	0	0	0.103	0.214	0	0	0	0.132	0.121	0	0
<i>CCDC134</i>	0.132	0	0.101	0	0.134	0	0	0.101	0.241	0	0	0	0	0	0.156	0
<i>DFNA18</i>	0	0	0.26	0.111	0	0	0	0	0	0.174	0	0.188	0.132	0	0	0
<i>GABRA4</i>	0	0	0.216	0	0	0.148	0.185	0.144	0	0.171	0	0	0	0	0	0
<i>OTSC7</i>	0	0	0.114	0.215	0	0	0	0	0.13	0.144	0	0.141	0.119	0	0	0
<i>NAPS8</i>	0	0	0	0	0.227	0	0	0.185	0.266	0	0	0	0	0.184	0	0
<i>RELN</i>	0	0	0.127	0	0	0.193	0.118	0.191	0	0.104	0	0	0.129	0	0	0
<i>ERVK-23</i>	0	0.118	0	0	0.138	0	0.122	0.107	0.377	0	0	0	0	0	0	0
<i>JOSD1</i>	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173	0	0	0	0.405	0.132
<i>DFNA31</i>	0	0	0.229	0.21	0	0	0	0	0	0.181	0	0.14	0.101	0	0	0
<i>ATG3</i>	0	0	0	0	0.221	0	0	0	0.105	0	0.243	0	0	0.176	0.115	0
<i>JRKL</i>	0	0	0	0	0	0.268	0.141	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0.34
<i>LRRTM1</i>	0	0	0.101	0	0	0.175	0	0.115	0	0.218	0	0	0.145	0	0.103	0
<i>TSPAN7</i>	0	0	0.103	0	0	0.163	0.107	0.182	0	0	0.189	0	0.113	0	0	0
<i>DFNB15</i>	0	0	0.276	0.116	0	0	0	0	0	0.176	0	0.146	0.14	0	0	0
<i>WDM</i>	0	0.138	0	0.1	0	0	0	0	0.131	0.201	0.157	0.127	0	0	0	0
<i>SORCS1</i>	0.103	0	0.124	0	0.134	0	0	0.126	0.242	0	0	0	0	0.125	0	0
<i>GBA2</i>	0	0	0	0	0.208	0	0	0.253	0.187	0	0	0	0	0.206	0	0
<i>DRD3</i>	0	0	0.109	0	0.28	0	0	0	0	0.133	0	0	0.108	0	0	0.223
<i>CHODL</i>	0	0.107	0	0.364	0	0	0	0	0.107	0.275	0	0	0	0	0	0
<i>ANIB4</i>	0	0	0	0	0.212	0	0	0.13	0.159	0	0	0.161	0	0	0	0.19
<i>KCNQ3</i>	0	0	0	0	0	0.197	0.144	0.158	0	0	0	0.163	0	0	0	0.19
<i>SNPH</i>	0.119	0.132	0	0.101	0	0	0	0	0.141	0.103	0.141	0	0	0.115	0	0
<i>C14ORF28</i>	0	0	0.219	0	0	0	0	0	0	0	0.144	0	0.107	0	0.102	0.279
<i>SCZD2</i>	0	0	0.101	0	0	0	0	0	0.112	0.206	0	0	0.107	0	0	0.325
<i>CADPS2</i>	0	0	0.163	0	0	0.161	0.234	0	0	0	0	0	0.189	0	0.103	0
<i>THAS</i>	0	0	0.143	0	0	0.147	0.133	0	0	0	0	0	0.282	0	0	0.145
<i>MRSS</i>	0	0	0.142	0	0	0.164	0.179	0.118	0	0	0	0	0.246	0	0	0

KCNAB1	0	0	0	0	0	0.269	0.147	0.166	0	0	0	0	0	0	0	0.266
BLMH	0.101	0	0	0	0.184	0	0	0.111	0.209	0	0.114	0	0	0.129	0	0
GRIK4	0	0.113	0.141	0	0	0.179	0.166	0.125	0	0.122	0	0	0	0	0	0
YWHAQP4	0.168	0.115	0	0	0.163	0	0	0.138	0.147	0	0	0	0	0.114	0	0
FAM134B	0	0	0	0.187	0.223	0	0	0.128	0.155	0	0	0.152	0	0	0	0
CDKL5	0	0	0.182	0	0	0.148	0.116	0.101	0	0	0	0	0.128	0	0	0.17
MRX18	0	0	0.185	0.116	0	0.193	0.154	0	0	0	0	0	0.196	0	0	0
GAD1	0	0.194	0.11	0	0	0.127	0.162	0.112	0	0.139	0	0	0	0	0	0
ND1	0	0	0	0	0.222	0	0.162	0	0.14	0	0	0.176	0	0.143	0	0
CLN9	0	0	0	0	0.211	0	0	0.283	0.167	0	0	0	0	0.182	0	0
DFNB55	0	0	0.109	0.214	0	0	0	0	0	0.297	0	0.101	0.122	0	0	0
DFNB47	0	0	0	0.256	0	0	0	0	0	0.236	0	0.204	0.147	0	0	0
KCNMB4	0	0	0	0	0	0.284	0.231	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0.219
C20ORF203	0	0	0.113	0	0.172	0	0	0.16	0.158	0	0	0	0.122	0.116	0	0
METTL2B	0.125	0	0.14	0	0.186	0	0	0.101	0.167	0	0	0	0	0.121	0	0
GIGYF1	0	0.109	0	0	0.138	0	0	0	0.127	0	0	0	0	0.115	0.116	0.235
KCNS1	0	0	0	0	0	0.197	0.275	0.109	0	0	0	0.13	0	0	0	0.128
NDUFAF2	0	0	0.119	0	0	0	0.155	0.122	0	0	0	0.128	0.148	0.167	0	0
DFN6	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0.129	0.428	0	0	0
ERVW-2	0	0.164	0	0	0.267	0	0	0.133	0.161	0	0.113	0	0	0	0	0
CACNA1H	0	0	0	0	0	0.154	0.165	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0.356
LRRC1	0	0	0	0.184	0	0.162	0.142	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0.24
SPPL3	0.113	0	0	0	0.297	0	0	0.145	0.165	0	0	0	0	0.115	0	0
SNAP25	0	0	0.136	0	0	0.166	0	0	0	0.163	0.102	0	0.151	0	0.116	0
GMFB	0.119	0.169	0	0	0.272	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0.127	0	0
HCN2	0	0	0	0	0	0.268	0.139	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0.304
MOPCB2	0	0	0	0.187	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0.218	0	0	0.287
IP6K3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.347	0	0	0	0.484	0
GLRA4	0	0.12	0	0	0	0.155	0.112	0.132	0	0.311	0	0	0	0	0	0
WDFY3	0	0.106	0	0	0.156	0	0	0	0.165	0	0.165	0	0	0.122	0.115	0
COQ2	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0.144	0	0.227	0	0.341
DTNBP1	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0.148	0.134	0	0	0.109	0	0	0.325
WHAMMP3	0.206	0	0.227	0	0	0.134	0.15	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0
GSK3A	0.278	0.125	0	0	0.163	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0.101	0	0
EFHC2	0	0	0.116	0	0	0.153	0.136	0.112	0	0	0	0	0.128	0	0	0.182
OTOP1	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0.129	0.13	0.113	0.109	0	0.21	0
TMEM185A	0.277	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0.197	0	0.126	0	0.114	0
UFL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.297	0	0.146	0	0	0.109	0.274	0
LGMD1D	0	0.112	0	0.352	0	0	0	0	0.123	0.13	0	0.109	0	0	0	0
UPP2	0.124	0	0.165	0	0.174	0	0	0.103	0.146	0	0	0	0.113	0	0	0
SH3TC1	0	0	0	0.236	0	0	0	0	0	0	0	0	0.221	0	0	0.368

NR4A2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0.42	0.105	0.173
MRX72	0	0	0.159	0	0	0.209	0.145	0.152	0	0	0	0	0.159	0	0	0
GSK3B	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0.135	0	0.173	0	0	0.122	0	0.281
CLIP2	0	0.101	0.105	0.305	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0.21	0	0	0
ELAVL4	0	0.122	0	0	0.247	0	0	0	0.274	0.18	0	0	0	0	0	0
CCT8L2	0	0	0	0	0	0.125	0.193	0.122	0	0	0.161	0	0	0	0	0.221
SCN4A	0	0	0	0.111	0	0.162	0.143	0.1	0	0	0	0.107	0	0	0	0.198
GDNF	0	0.173	0	0	0	0	0	0	0	0.107	0.135	0	0	0.406	0	0
UBAP1	0.101	0.159	0	0	0.163	0	0	0.102	0.103	0.193	0	0	0	0	0	0
CHRNB4	0	0	0.22	0	0	0.19	0	0.101	0	0.181	0	0	0.128	0	0	0
FAM72A	0	0	0	0	0.229	0	0	0.321	0.168	0	0	0	0	0.101	0	0
DBH	0	0	0.103	0	0.283	0	0	0	0	0.118	0	0	0.107	0	0	0.208
TEX261	0	0.117	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0.107	0	0	0.188	0.296	0
PARK16	0	0	0	0	0.222	0	0	0.12	0.142	0	0	0	0	0.219	0.116	0
SMS	0	0	0.151	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0.422	0	0.113	0
PAFAH1B1	0	0.19	0.108	0	0	0.14	0.162	0.114	0	0	0	0	0.105	0	0	0
OPA5	0	0.123	0	0.1	0	0	0.119	0	0	0.168	0	0.183	0	0.125	0	0
RMD1	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0.178	0	0.17	0.206	0	0	0.157
KLHL4	0	0	0	0	0	0.123	0	0.124	0	0	0.107	0	0.129	0	0.333	0
GABRA3	0	0	0.172	0	0	0.171	0.13	0.13	0	0.213	0	0	0	0	0	0
KLC2	0.139	0.128	0	0.101	0	0	0	0	0	0	0.138	0.17	0	0.139	0	0
PPP1R1B	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0	0.145	0.142	0	0.139	0	0	0.286
TRIM9	0	0	0.136	0	0.159	0	0	0.101	0.195	0	0	0	0	0.107	0.116	0
NXP1	0.147	0	0.106	0	0.184	0	0	0.111	0.15	0	0	0	0.115	0	0	0
CELSR2	0.155	0.111	0	0	0.237	0	0	0	0.31	0	0	0	0	0	0	0
C16ORF57	0	0	0	0.155	0	0.245	0.143	0	0	0	0	0.106	0.163	0	0	0
PRPF40B	0	0	0.12	0	0	0.168	0.205	0.145	0	0	0	0	0.174	0	0	0
CAPS2	0.116	0	0.185	0	0	0.116	0.154	0	0	0	0	0	0.138	0	0.103	0
ZNF778	0	0	0.107	0	0	0.215	0.111	0.104	0	0	0	0	0.274	0	0	0
NLGN4X	0	0	0.106	0	0	0.125	0.228	0.101	0	0	0	0	0.251	0	0	0
MIR134	0.147	0	0.319	0	0	0.12	0	0.102	0	0	0	0	0.123	0	0	0
GABRG2	0	0	0	0	0	0.122	0.112	0.188	0	0.227	0	0	0	0	0	0.161
PRPH	0	0.108	0	0.1	0	0	0	0	0.165	0.201	0	0.103	0	0.132	0	0
LDLRAD3	0	0.109	0.121	0	0	0.161	0.145	0.116	0	0	0	0	0	0	0.155	0
CP	0	0.127	0	0	0.2	0	0	0	0	0.344	0	0	0	0.136	0	0
GUSBP1	0	0.185	0	0.496	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0	0
CDKL3	0	0	0.119	0	0	0.152	0.142	0.208	0	0	0	0	0.186	0	0	0
PNMA6D	0	0	0	0	0	0.244	0.288	0.13	0	0	0	0	0	0.144	0	0
CGF1	0.125	0	0.126	0	0	0.142	0.157	0	0	0	0	0	0.256	0	0	0
CACNA2D1	0	0	0	0	0	0.196	0.1	0.109	0	0	0.18	0	0	0	0	0.221
MED12	0.125	0	0.138	0	0.187	0	0	0.111	0	0	0.124	0	0.12	0	0	0

PAWR	0	0.152	0	0	0.2	0	0	0	0.158	0	0	0	0	0.295	0	0
ATXN2L	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0.134	0	0	0.189	0.111	0.27
GABBR2	0	0.16	0.115	0	0	0.121	0.144	0.1	0	0.164	0	0	0	0	0	0
ERVK-12	0	0.115	0	0	0.17	0	0.164	0.1	0.255	0	0	0	0	0	0	0
HOMER1	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0.188	0.145	0	0.125	0	0	0.231
GTF2IRD2P1	0	0	0.216	0.215	0	0	0.123	0	0	0	0	0.128	0.121	0	0	0
CDK18	0	0.111	0	0	0.204	0	0	0.128	0.157	0	0	0	0	0.203	0	0
PLS3	0	0.22	0	0	0	0	0	0	0	0	0.179	0	0	0	0.403	0
TTC19	0	0	0.106	0.116	0	0	0.103	0	0	0	0	0.135	0.16	0.182	0	0
CMD1B	0	0	0.11	0.111	0	0	0.189	0	0	0.155	0	0.134	0.103	0	0	0
CNBP	0	0	0	0.184	0.366	0	0	0	0.126	0	0.126	0	0	0	0	0
ACRC	0	0	0	0.183	0.135	0	0	0	0.149	0	0.114	0	0	0	0	0.221
GLRA2	0	0	0	0	0	0.288	0.131	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0.263
ST13	0	0	0	0	0.189	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0.235	0.223	0
CNTN4	0	0	0.125	0	0	0.206	0.137	0.209	0	0	0	0	0.125	0	0	0
PARL	0	0	0	0.107	0.267	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0.113	0	0.207
CHRNA2	0	0	0.12	0	0	0.233	0	0.102	0	0.245	0	0	0.101	0	0	0
OHDS	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0.104	0	0	0.187	0.139	0	0	0.187
MRX51	0	0	0.111	0	0	0.16	0.178	0.12	0	0	0	0	0.231	0	0	0
PCSK1N	0	0.122	0	0	0.255	0	0	0.145	0.174	0	0	0	0	0.102	0	0
HDAC6	0	0.107	0	0	0.255	0	0	0	0.201	0	0.119	0	0	0.114	0	0
TMEM126A	0	0	0.109	0.105	0	0	0.199	0	0	0.155	0	0.102	0.125	0	0	0
CORT	0	0	0	0	0.152	0	0	0.101	0.126	0	0.275	0	0	0.14	0	0
SCZD3	0	0	0.134	0	0	0	0	0	0.104	0.123	0	0	0.172	0	0	0.261
LRP8	0.13	0	0.145	0	0.178	0	0	0.132	0.209	0	0	0	0	0	0	0
ILVBL	0	0	0	0	0.173	0	0	0.324	0.17	0	0	0	0	0	0	0.125
SPG16	0	0	0.12	0.111	0	0.137	0.147	0	0	0	0	0.176	0.101	0	0	0
TSC2	0	0.178	0.105	0	0	0.394	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNMB2	0	0	0	0	0	0.288	0.154	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0.25
PION	0.152	0	0.143	0	0.159	0	0	0.119	0.114	0	0	0	0	0.104	0	0
GMPPB	0	0	0	0	0.213	0	0	0.165	0	0	0.167	0	0	0.114	0	0.131
CHMP4C	0.116	0	0	0	0.181	0	0	0.102	0.244	0	0	0	0	0.147	0	0
SYN3	0	0	0.114	0	0	0.156	0.122	0.103	0	0.176	0	0	0.119	0	0	0
TSC1	0	0.121	0.129	0	0	0.16	0	0.132	0	0	0	0	0.248	0	0	0
LPPR2	0	0	0.103	0	0	0.132	0.113	0.137	0	0.197	0	0	0.108	0	0	0
PDR	0	0	0.147	0.219	0	0	0.113	0	0	0	0.182	0	0.128	0	0	0
TELAB1	0	0	0	0.362	0	0	0	0	0	0	0	0.324	0	0	0	0.102
GPR155	0	0	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0.226	0	0	0.135	0.281	0
MAP3K15	0	0	0	0	0.235	0	0	0.116	0.142	0	0.157	0	0	0.137	0	0
VSTM2L	0	0	0.104	0	0.145	0	0	0.111	0.309	0	0	0	0	0.118	0	0
SLC6A1	0	0	0.103	0	0	0.165	0.115	0.103	0	0.195	0	0	0.106	0	0	0

SUPT3H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.241	0	0	0.171	0.117	0.222
USP48	0	0	0	0	0.21	0	0	0	0.103	0	0.134	0	0	0.168	0	0.136
LOC619539	0	0	0	0.306	0	0	0	0	0	0	0	0.193	0	0	0	0.252
APOE	0.113	0	0	0	0.184	0	0	0.102	0.196	0	0	0	0	0	0.156	0
SSD	0	0	0.146	0	0	0.145	0.15	0	0	0.174	0	0	0.136	0	0	0
DFN4	0	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0.342	0.116	0	0	0
RNF170	0	0	0	0.269	0	0	0	0	0	0	0.262	0.104	0	0.115	0	0
NRXN1	0	0	0.144	0	0	0.162	0	0.101	0	0	0	0	0.343	0	0	0
KCNMB3	0	0	0	0	0	0.285	0.122	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0.208
ATP1A2	0	0	0	0	0	0.241	0.155	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0.247
FEB6	0	0	0	0	0	0.289	0.167	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0.172
CIC	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0.183	0	0	0.143	0.281	0
MFN1	0	0	0	0.218	0	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0.112	0	0.271
CREB1	0	0	0	0	0	0.216	0.153	0	0	0	0.159	0	0	0	0	0.219
CST2	0	0	0	0	0.166	0	0.228	0.12	0.233	0	0	0	0	0	0	0
MTHFR	0	0	0	0	0.215	0	0.127	0.133	0.272	0	0	0	0	0	0	0
NTNG1	0	0	0.103	0	0	0.16	0.175	0.14	0	0	0	0	0.168	0	0	0
BSN	0	0	0.129	0	0	0.144	0.145	0	0	0.211	0	0	0	0	0.117	0
PON3	0	0.19	0	0	0.443	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0
MAP1LC3C	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0.138	0	0.248	0	0	0.134	0.111	0
TBC1D22A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0.354	0.265
CACNB4	0	0	0	0	0	0.29	0.101	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0.248
MMVP2	0	0	0	0.3	0.192	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0.121
OPA1	0	0	0	0.269	0	0	0	0	0	0.122	0	0.215	0	0.137	0	0
PSMC6	0	0	0	0	0.142	0	0	0.12	0.241	0	0.119	0	0	0.121	0	0
HAR1B	0	0	0	0	0	0.212	0.293	0.121	0.117	0	0	0	0	0	0	0
ERVK-2	0	0.103	0	0	0.158	0	0.164	0.1	0.218	0	0	0	0	0	0	0
SPPL2B	0.128	0	0	0	0.185	0	0	0.111	0.177	0	0	0	0	0.141	0	0
ZNF630	0	0	0.162	0	0	0.22	0.102	0.113	0	0	0	0	0.145	0	0	0
APBA1	0.184	0	0	0	0.184	0	0	0.112	0.142	0	0	0	0	0.119	0	0
COHEN2	0	0	0.162	0	0	0.174	0.2	0	0	0	0	0	0.205	0	0	0
GABRB2	0	0	0	0	0	0.15	0.127	0.108	0	0.193	0	0	0	0	0	0.161
BAHCC1	0.169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.248	0.321
MRX14	0	0	0.125	0	0	0.162	0.104	0.115	0	0	0	0	0.109	0	0	0.123
MGR5	0	0	0	0	0	0.199	0.11	0.126	0	0.18	0	0	0	0	0	0.123
VARS2	0	0	0	0.167	0	0	0.132	0	0	0	0	0.104	0	0.335	0	0
IFT74	0.217	0.125	0	0	0.23	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0	0	0
MBD5	0	0	0.105	0	0	0.247	0.138	0.117	0	0	0	0	0.13	0	0	0
KTCN4	0.152	0.106	0	0	0.268	0	0	0	0.211	0	0	0	0	0	0	0
CCDC22	0	0.482	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.254	0	0	0	0
CMAL	0	0.101	0	0	0	0.156	0	0	0.173	0	0	0	0	0	0	0.305

NDUFB11	0	0	0	0.185	0	0	0.121	0	0	0.196	0	0.104	0	0.129	0	0
SLC9A6	0	0	0	0	0	0.123	0.204	0.13	0.164	0	0	0	0	0.113	0	0
FGS2	0	0	0.155	0	0	0.172	0.16	0	0	0	0	0	0.247	0	0	0
DFNB44	0	0	0.111	0.215	0	0	0	0	0	0.15	0	0.113	0.144	0	0	0
KLK8	0	0	0.115	0	0	0.19	0	0.118	0	0.194	0	0	0.116	0	0	0
NAT8B	0	0	0	0	0.228	0	0	0.277	0.111	0	0	0	0	0.116	0	0
TRIM11	0	0	0	0	0.197	0	0	0.144	0.208	0	0	0	0	0.183	0	0
CALB2	0	0.112	0	0	0	0.209	0.101	0	0	0.193	0.117	0	0	0	0	0
QPRT	0	0	0	0	0	0.245	0.142	0.122	0	0	0.223	0	0	0	0	0
MRX75	0	0	0.134	0	0	0.159	0.152	0	0	0	0	0	0.286	0	0	0
RGNEF	0	0.125	0	0.437	0	0	0	0	0.169	0	0	0	0	0	0	0
PSENE1	0.105	0	0	0	0.185	0	0	0.155	0.18	0	0	0	0	0.106	0	0
GPR98	0	0	0.17	0	0	0.19	0	0	0	0.116	0	0.118	0.137	0	0	0
LMO3	0	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0.211	0	0	0.107	0	0	0.259
ATG14	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0.194	0	0	0.118	0.279	0
SPG20	0	0	0	0.269	0	0	0	0	0.177	0	0	0.16	0	0.124	0	0
ITM2C	0.106	0	0	0	0.181	0	0	0.115	0.215	0	0	0	0	0.113	0	0
MRX52	0	0	0.295	0	0	0.136	0.164	0	0	0	0	0	0.135	0	0	0
WHCR	0	0	0.136	0	0	0.114	0.115	0	0	0	0.127	0	0.123	0	0.113	0
PHF6	0	0	0.148	0	0	0.202	0.128	0.104	0	0	0	0	0.146	0	0	0
DLSTP1	0	0	0	0	0.216	0	0.126	0.12	0.266	0	0	0	0	0	0	0
MS4A6A	0	0.135	0.13	0	0.168	0	0	0.122	0.173	0	0	0	0	0	0	0
UBB	0	0	0	0	0.222	0	0	0.126	0.167	0	0.101	0	0	0.111	0	0
NECAB1	0.14	0	0.108	0	0	0.142	0	0.107	0	0.229	0	0	0	0	0	0
OPHN1	0	0	0.137	0	0	0.117	0.229	0.104	0	0	0	0	0.138	0	0	0
WAC	0.161	0	0	0	0.174	0	0	0.12	0.269	0	0	0	0	0	0	0
FBXO7	0	0	0	0	0.231	0	0	0.166	0.132	0	0	0	0	0.194	0	0
GSTO1	0	0.109	0	0	0.156	0	0	0.136	0.186	0	0.136	0	0	0	0	0
CACNA1I	0	0	0	0	0	0.301	0.114	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0.145
SEPT7P2	0	0	0	0	0.166	0	0	0.182	0	0	0	0	0	0.154	0.22	0
PSMB5	0	0.106	0	0	0.203	0	0	0	0.166	0	0.124	0	0	0.123	0	0
SLC6A8	0	0	0.16	0	0	0.145	0.159	0.104	0	0	0	0	0.154	0	0	0
PPT2	0	0	0	0	0.222	0.103	0	0.115	0	0	0	0	0.138	0.143	0	0
DFN8	0	0	0.114	0.211	0	0	0	0	0	0.132	0	0.125	0.139	0	0	0
FOPNL	0	0	0.114	0	0	0.118	0.145	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0.231
ARSA	0	0	0.107	0	0.235	0	0	0	0	0.167	0	0	0.106	0.106	0	0
KIF5A	0	0.177	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0.22	0.105	0	0.104	0	0
DFNA47	0	0	0.181	0.116	0	0	0	0	0	0.177	0	0.134	0.113	0	0	0
BBS4	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0.156	0.297	0	0	0
FA2H	0	0	0	0.269	0	0	0	0	0	0.106	0	0.227	0	0.117	0	0
KCNJ10	0	0.129	0	0	0	0.209	0.103	0.108	0	0.169	0	0	0	0	0	0

COPD17	0	0	0	0.223	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127
NQO2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.35
SLC45A1	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0	0	0.143	0	0	0	0.102	0
TBX23P	0	0	0	0.243	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.107	0
COX6B1P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.35	0
MUC20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.35	0
S100A11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.35	0
RSS	0	0	0	0	0	0.13	0.113	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0
GJD3	0	0	0	0.35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CACNB3	0	0	0	0	0	0.191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.158
SOD3	0.101	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12
C10ORF116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.349	0
ELOVL2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.349	0
MSL3P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.349	0
CISD2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121	0.126	0.102	0	0
NDRG1	0	0	0	0.231	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0
MYMY3	0	0.181	0	0.168	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DPEP3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.348
JPH2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.348
WDR44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.348	0
MYO1D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12	0	0.228	0	0	0	0
EBF2	0	0.105	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0
MIR133A2	0	0	0	0	0.184	0	0	0	0.164	0	0	0	0	0	0	0
GBD2	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0.23	0	0	0	0	0	0	0
PRB4	0	0	0	0.348	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SYT16	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.232	0
ANKRD33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162	0	0	0	0	0.185	0
RPTN	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.222	0
IBD18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.347	0
CELF2	0	0	0	0	0.127	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0.113	0	0
SCKL3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0.221	0	0	0
UBC	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189	0	0.158	0	0	0	0	0
APAF1	0	0.172	0	0	0	0	0	0	0	0	0.175	0	0	0	0	0
OPRL1	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0.218	0	0	0	0	0	0
VN1R5	0.347	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DNAH2	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0.104	0
SRGAP3	0	0	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.202	0	0	0
LMX1A	0	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0.24	0	0	0	0	0	0
KBTBD13	0	0	0	0.221	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124
KCNQ1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.345
SLITRK5	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.206	0

HTATSF1	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0.21	0	0	0	0	0	0	0
PAR-SN	0	0	0	0	0	0.189	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CNPY1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.339	0
PCP4L1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.339	0
TRBV4-3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.339	0
TAF4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.339	0	0	0	0	0
CCR10	0	0	0	0.339	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MTMR14	0	0	0	0.339	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GJA5	0	0	0	0.21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129
PLCB4	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0
CCNT1	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0.235	0	0	0	0	0	0	0
STAP1	0	0	0	0	0.167	0	0	0	0.172	0	0	0	0	0	0	0
DDX20	0	0.221	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FAM176A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0.215	0
HSPA7	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0.11	0	0
RNF165	0.106	0	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0
SHANK1	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197	0	0	0
SLSN3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0	0.152	0	0	0	0
NPHP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0.2
R3HCC1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.22	0	0	0	0.117	0
TLE4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.337	0
TRR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.337	0
MATN3	0	0	0	0.337	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MYT1	0	0	0	0.337	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGHD@	0	0	0	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.158	0
STK32B	0	0	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.194	0	0	0
WS2B	0	0	0	0.188	0	0	0	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0
ZNF286A	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0	0	0	0
PRKRIP1	0	0.183	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0	0
SLC44A4	0	0.125	0	0	0	0	0	0.212	0	0	0	0	0	0	0	0
IP6K2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.336	0
MYOT	0	0	0	0.198	0	0	0	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0
KCNH3	0	0	0	0	0	0.183	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0
HSPB3	0	0.101	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0
ERMN	0	0.165	0	0.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOC440683	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0.194
REM1	0	0	0	0	0	0.214	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121
YWHAB	0	0.185	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LSL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.334
MARK2	0.105	0.113	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0	0
HTR4	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0.109

ZNF76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.206	0	0	0	0	0
ABCC9	0	0	0	0	0	0.206	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CAB39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.205
SLC16A4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.205
CHRD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.205	0
MEGF11	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
BSND	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.205	0	0	0	0
GANC	0	0	0	0	0.205	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIR5096	0.205	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HMOX2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.204
PRKAA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.204
LOR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.204	0
SEL1L3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.204	0
BCL11B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.204	0	0	0	0	0
PGM2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.204	0	0	0	0	0
DGKQ	0	0	0	0	0	0	0	0	0.204	0	0	0	0	0	0	0
HSPB7	0	0	0	0.204	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FYCO1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0.1
CIRH1A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.203	0	0	0	0
UNGP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.203	0	0	0	0	0
NPIP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.203	0	0	0	0	0	0
NRG3	0	0	0	0	0	0	0	0	0.203	0	0	0	0	0	0	0
MCAT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.202
MPP3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.202
ADRA1B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.202	0
BTB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0.101	0	0	0
ITPR3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.202	0	0	0	0	0
CSTP2	0	0	0	0	0	0	0	0.202	0	0	0	0	0	0	0	0
APOA5	0.202	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LIPG	0.202	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TCEB2P2	0.202	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADRB2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.201
PIGL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.201
PIGV	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.201
UCP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.201
IGKV3OR2-268	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.201	0
TRBV6-3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.201	0
POLB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.201	0	0	0	0	0
CPXCR1	0	0	0	0	0	0.201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYTH2	0	0	0	0	0	0.201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MTMR6	0	0	0	0.201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

LRP6	0.201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MSK10	0.201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FUT10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2
SMPDL3A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2
UCP3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2
HIST1H3I	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2	0
KALP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2	0
BRP44L	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2	0	0	0	0	0
MCHR1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2	0	0	0	0	0
HIST1H2AC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.199	0
BAI3	0.199	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SF	0.199	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NAMPT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.198
RETN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.198
BAIAP2L2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.198	0
CTSL1P3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.198	0
FGF17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.198	0
TMCS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.198	0	0	0	0
NR3C1	0	0	0	0	0.198	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DMRTC1B	0.198	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIC12	0.198	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NGFG	0.198	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SPOCK2	0.198	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ARL13B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197
ARVD4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197
PIGY	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197
FKBP10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197
SBSN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197
TRBV13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197
NOL12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.197	0	0	0	0
CEP41	0	0	0	0	0	0.197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PLD2	0	0	0	0	0	0.197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GYLTL1B	0	0	0	0.197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MPP7	0	0	0	0.197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ARHGAP30	0.197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SUGT1	0.197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CFC1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196
GPX1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196
SLC2A9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196
CWC22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0
PAX5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0

PFN1P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0
PFN1P3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0
PUS10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0
ANO10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0	0	0	0
NTF4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0	0	0	0
PMCH	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0
JAG1	0	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C19ORF46	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLDN19	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CMD1K	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FAM208B	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RBM11	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RCE1	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
REEP3	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RGAG4	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCHIP1	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SEMA4F	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SEPT9	0	0	0	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LRP3	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIR1273F	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIRLET7A2	0.196	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GALNTL6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.195
TNNC2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.195
SUMO1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.195	0	0	0	0	0
SEPT7	0	0	0	0	0.195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APOC4-APOC2	0.195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GUCY2GP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.194
PIGB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.194
TNRC6A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0
TRRAP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0
CSPG5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0
RPGR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0
LRRC48	0	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGKV2D-40	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PSMA5	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SPON1	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SRP9	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TIAF1	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMEM108	0	0	0	0	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CNPY4	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MPV17L	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

TFAP2B	0.194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PKD1L2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.193
LRG1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.193	0
MUC22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.193	0
TTC31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.193	0
LIG1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.193	0	0	0	0	0
PRPH2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.193	0	0	0	0	0
PDIA5	0	0	0	0	0.193	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NIDDM2	0	0	0	0.193	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMOD3	0.193	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NOS2P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.192
TMEM57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.192
F8A2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.192
RNASEH1P3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.192
LPAR6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.192	0	0	0	0
MAP2K6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.192	0	0	0	0
TTL11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.192	0	0	0	0
SRCIN1	0	0	0	0	0	0.192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDIA2	0	0	0	0	0.192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GBP2	0	0	0	0.192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNX18	0	0	0	0.192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MORF4L1P1	0.192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NIDDM3	0.192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BEST3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.191
C1QTNF6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.191
PAFAH1B1P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.191
RRM2P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.191
TRNS2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.191	0	0	0
CNGA3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.191	0	0	0	0	0
BANF2	0	0	0	0.191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GJA6P	0	0	0	0.191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CEP72	0.191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PHKG2	0.191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GNB2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19
KCNAS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19
PCBD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19
PRKAG1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19
FKBP9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19
SNAPC3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19	0	0	0	0
G3BP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19	0	0	0	0	0	0
RNF41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.19	0	0	0	0	0

UGT1A9	0	0	0	0	0	0	0.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TBC1D5	0	0	0	0.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PCYOX1	0.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AASTH38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
AASTH7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
ACACB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
ACCS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
DENND4C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
PIGM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
PLN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
RYR1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
TNNI3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189
C2CD4A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189	0
UNC93A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.189	0	0	0	0	0
HERC2P7	0	0	0	0	0	0.189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C11ORF24	0.189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MEGF10	0.189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TCTE3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.188
LRRTM4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.188	0
YKT6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.188	0
IFT43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.188	0	0	0	0
NT5C1B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.188	0	0	0	0	0
QKI	0	0	0	0.188	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CHAD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.187	0
MIXL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.187	0
OR8J2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.187	0
EFEMP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.187	0	0	0	0	0	0
RHO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.187	0	0	0	0	0	0
TNC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.187	0	0	0	0	0	0
BDKRB1	0	0	0	0	0	0.187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CBLN2	0	0	0	0	0	0.187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AGPAT2	0	0	0	0.187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LRP10	0.187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NKX6-3	0.187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SFI1	0.187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ARE1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0
HESX1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0
SYT13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0
CLDN14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0	0	0	0
MIR219-1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0	0	0	0	0
SIN3A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0	0	0	0	0

AHDC1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.186	0	0	0	0	0	0	0
SLC38A1	0	0	0	0	0	0.186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOC441869	0	0	0	0.186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC25A5P3	0	0	0	0.186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GSTA7P	0.186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NUS1P3	0.186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SGK3	0.186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
VN1R2	0.186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C6ORF170	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.185
GBX2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.185	0
SFMBT2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.185	0
NUDT1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.185	0	0	0	0	0
NEUROD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.185	0	0	0	0	0	0
IGFN1	0	0	0	0.185	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CORIN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184
PRDM16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184
TMEM38A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184
GPR62	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184	0
LLEP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184	0
PROL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184	0
SDHAF2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184	0	0	0	0
KAT2B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184	0	0	0	0	0
RP6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.184	0	0	0	0	0	0
EPB41L2	0	0	0	0.184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SGSM3	0	0	0	0.184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KLHL23	0.184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC5A2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183
TM4SF18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183
HNF4GP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0
PSORS8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0
SEPT12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0
SPRR2D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0
SYT9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0
ATO7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0	0
LHX8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0	0
RGS11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0	0
ERBB2IP	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HSPB9	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LAMA4	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LRFN4	0	0	0	0.183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPL23AP3	0.183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ADRA1A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.182
ATP8A1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.182	0
GPR97	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.182	0
OPN4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.182	0	0	0	0	0	0
PTBP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.182	0	0	0	0	0	0	0
DDX24	0	0	0	0	0.182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGKV1-37	0	0	0	0	0.182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KLHL22	0.182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PYGB	0.182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GEM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181
PAICSP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181
SLC2A7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181
ASS1P7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181	0
KIAA0913	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181	0
PLCH2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181	0
SMOX	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181	0
TFP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181	0
MEX3A	0	0	0	0	0	0	0	0	0.181	0	0	0	0	0	0	0
HSD11B1	0	0	0	0	0.181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COPD3	0	0	0	0.181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ITGB4	0	0	0	0.181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MAL	0	0	0	0.181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RNF10	0	0	0	0.181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C2CD2	0.181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC2AXP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18
COLQ	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0
KAT2A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0
KCNIP4-IT1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0
KLHL20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0
LIMK1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0
GNAT2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0
RAX2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0
RORB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0
ERBB4	0	0	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0	0
NDUFB7	0	0	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GBAP1	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HMBOX1	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IFNA7	0	0	0	0	0.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SRA1	0.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TOMM70A	0.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZXDC	0.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

TLL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.179
NAA11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.179	0
ATOH1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.179	0	0	0	0
VIP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.179	0	0	0	0	0
EEF2K	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.179	0	0	0	0	0	0
UNC13A	0	0	0	0	0	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CCR2	0	0	0	0	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GPR1	0	0	0	0	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DIAPH2	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGSF8	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MAPK11	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDGFC	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R3B	0.179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MEGF8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.178
SFXN4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.178
IGKV1OR-4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.178	0
SEMA5B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.178	0	0	0	0
BAI1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.178	0	0	0	0	0
LSM2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.178	0	0	0	0	0
ATP2C1	0	0	0	0	0.178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UBBP3	0	0	0	0.178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LPA	0.178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCARF1	0.178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AMPD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.177
ODCP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.177	0
RRM2P4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.177	0
CDAN3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.177	0	0	0	0
SEMA4A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.177	0	0	0	0
ENDOV	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.177	0	0	0	0	0
RN5S2@	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.177	0	0	0	0	0
ZACN	0	0	0	0	0	0.177	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GJC1	0	0	0	0.177	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C10ORF10	0.177	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MORF4L1P3	0.177	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF136	0.177	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF600	0.177	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CAV3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.176
CD40LG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.176
MLYCD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.176
SLC2A14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.176
GPNMB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.176	0

OCRL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.176	0	0	0
BUD13	0	0	0	0	0.176	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TSPAN9	0.176	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AZIN1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.175	0
TRGJ2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.175	0
PDCD2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.175	0	0	0	0	0
KHDRBS2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.175	0	0	0	0	0	0
MUSK	0	0	0	0.175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMPO	0	0	0	0.175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C13ORF41	0.175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRKAA2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174
SLC2A8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174
TMEM114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174
GTPBP3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0	0	0
MPG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0	0	0	0
NRTN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0	0	0	0
SAP30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0	0	0	0
TUSC1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0	0	0	0
EEF1A1P13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0	0	0	0	0
RDH8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.174	0	0	0	0	0	0
ISYNA1	0.174	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NUDT16L1	0.174	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DNASE1L2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173	0
SNORD36B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173	0
TMPRSS3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173	0	0	0	0
COP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173	0	0	0	0	0
POLR3C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173	0	0	0	0	0
PENK	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173	0	0	0	0	0
NPY1R	0	0	0	0	0	0.173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KIAA0146	0	0	0	0.173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF295	0.173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC16A3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172
SNTB2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172
SPR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172
SYPL2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172
MCTP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172	0
TBL1X	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172	0
CNRIP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172	0	0	0	0	0
TAF6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172	0	0	0	0	0
CARTPT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172	0	0	0	0	0
ATP6V1D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.172	0	0	0	0	0	0

MAGEE1	0	0	0	0.172	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C1HR	0.172	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MORF4L1P2	0.172	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171
CYSLTR1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171
RELA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171
SLC5A12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171
HIST2H2BA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0
POTEM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0
MBS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0	0	0	0
FRS2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0	0	0	0	0
GTF2A1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0	0	0	0	0
TAF9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0	0	0	0	0
ARMS2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0	0	0	0	0	0
BZW2	0	0	0	0	0	0	0	0.171	0	0	0	0	0	0	0	0
DYNLL2	0	0	0	0.171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A3GALT2P	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17
ANON	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17
INVS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17
TNNT1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17
SDHC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17	0	0	0	0
GDA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17	0	0	0	0	0
TADA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17	0	0	0	0	0
CDHR1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17	0	0	0	0	0	0
TULP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17	0	0	0	0	0	0
NUMBL	0	0	0	0	0.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLEC18A	0.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KIAA0430	0.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIS18A	0.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OR7D2	0.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A8	0.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SRI	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.169
SYT15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.169	0
TRNAL47P	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.169	0	0	0	0	0
ATP1B1	0	0	0	0	0	0.169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BDKRB2	0	0	0	0	0	0.169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLCN3	0	0	0	0	0	0.169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SERPINE2	0	0	0	0	0.169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LPAR1	0	0	0	0.169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPSAP13	0.169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AGMO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168

MRGPRD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168	0	0	0	0
PCDH20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168	0	0	0	0
AMYP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168	0	0	0	0	0
SUDS3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168	0	0	0	0	0
TAF12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168	0	0	0	0	0
OPN1LW	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168	0	0	0	0	0	0
SAG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.168	0	0	0	0	0	0
INPP5J	0.168	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PHKBP2	0.168	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RASA4	0.168	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GYG2P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.167	0
GUCA1B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.167	0	0	0	0	0	0
OPN1MW	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.167	0	0	0	0	0	0
JAKMP2	0	0	0	0	0	0.167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNJ11	0	0	0	0	0	0.167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNK6	0	0	0	0	0	0.167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C3ORF17	0.167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOC729316	0.167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PIGZ	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166
SLC2A4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166
OR2C1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0
NDUF55	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0
PDE7B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0
PYCARD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0
CRB1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0	0
RDH12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0	0
RNASEH2B	0	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NPY2R	0	0	0	0	0	0.166	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MMAA	0.166	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TLE3	0.166	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DAND5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.165
PRO2268	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.165
CDRT15P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.165	0
VN2R1P	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.165	0	0	0	0
PDE6C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.165	0	0	0	0	0	0
NSFL1C	0	0	0	0	0	0	0	0	0.165	0	0	0	0	0	0	0
UBBP4	0	0	0	0.165	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIR204	0.165	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SIRPG	0.165	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADRA2A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.164
B3GALNT2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.164

MIR377	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.164
ITGBL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.164	0
CLCN6	0	0	0	0	0	0	0	0.164	0	0	0	0	0	0	0	0
HNRPDL	0	0	0	0	0.164	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HDL3	0.164	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RFK	0.164	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PKD1L1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163
FADS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0
HSPB11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0
IGKV1OR1-1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0
IGKV1OR22-1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0
CHDM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0	0	0	0
GMPR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0	0	0	0	0
RP24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0	0	0	0	0
UFD1L	0	0	0	0	0	0	0	0	0.163	0	0	0	0	0	0	0
CXCL12	0	0	0	0	0.163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C1ORF167	0.163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZC3H12B	0.163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TNNI2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162
HMBS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162	0	0	0	0
OR10A4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162	0	0	0	0
MSH3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162	0	0	0	0	0
PYDC2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162	0	0	0	0	0
FHASD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162	0	0	0	0	0	0
PDE6H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.162	0	0	0	0	0	0
DIXDC1	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MMAB	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PCDH18	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R3D	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PZP	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF134	0.162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AQP7P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161
C7ORF13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161
DIDO1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161
JPH1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161
MYSA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161
PIGS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161
FKBP7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161	0
DRG2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0
TMC2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0
EPN1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0

TAF1B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0
PALMD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0
HADHA	0	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MBD1	0	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C17ORF39	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FGF22	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FILIP1	0	0	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF488	0	0	0	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C10RF135	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SHMT2	0.161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ART5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16
KIAA1199	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0
MYO1C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0
OR6A2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0
GNAL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0	0
OPN1SW	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0	0	0
MRPL18	0	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MTFMT	0	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNJ13	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ST7-AS2	0	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OTUD4	0	0	0	0	0.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DPM3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.159
PRL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.159
FSD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.159	0
NUDCD3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.159	0	0	0	0	0
PRPF3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.159	0	0	0	0	0	0
KCNF1	0	0	0	0	0	0.159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGKV1D-17	0	0	0	0	0.159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HSPE1	0.159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PHF3	0.159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CATSPER3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.158
KPTN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.158	0	0	0	0
CSN1S1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.158	0	0	0	0	0
C4ORF11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.158	0	0	0	0	0	0
MFRP-C1QTNF5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.158	0	0	0	0	0	0
GPC1	0	0	0	0	0.158	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BW34	0.158	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA13A	0.158	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDGFD	0.158	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DDC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157
EVC2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157	0	0	0

KRT24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157	0	0	0	0
OTOG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157	0	0	0	0
MLF1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157	0	0	0	0	0
NEDD8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157	0	0	0	0	0
NLRP10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157	0	0	0	0	0
MYO3B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.157	0	0	0	0	0	0
VPS37D	0	0	0	0	0.157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CSNK1A1L	0.157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA7H	0.157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRAP	0.157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNHIT2	0.157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FKBP1B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.156
SNX22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.156
FLVCR1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.156	0	0	0	0
MHS2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.156	0	0	0	0
NPHP4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.156	0	0	0	0
FAUP1	0	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FKBP5	0	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RBP7	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RHOQ	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RIMKLA	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RUFY1	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SUN2	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SYNE1	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMEM43	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRIM59-IFT80	0	0	0	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EEF1B2P3	0.156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC2A5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155
DPY19L4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0
JPX	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0
FGFR2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0
PDE6G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0
PITPNM3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0
PLEKHA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0
PRPF8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0
COX11P1	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SUCLG1	0	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNG4	0	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C16ORF70	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CCR3	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GSN	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

IGKV2-40	0	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RIN2	0	0	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADAM19	0	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD9	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
INSRR	0.155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PGP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154
TOR3A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154
TPRKB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154
ATOD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154	0
GLC3C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0
KNCN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0
TTC26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0
GFM2	0	0	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC24A2	0	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EIF5AP3	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GANAB	0	0	0	0	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AIMP1	0	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AIS2	0	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COMMD1	0	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GLIS3	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ITGA11	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OSTN	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A1	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A14	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
VWSM	0.154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CORD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0
GBX1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0
H3F3AP4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0
SYT5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0
FAM151B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0
TAF1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0
UGT1A12P	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0
PRPF31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0
VSX2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0
YOD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0	0
PEX10	0	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BRCD1	0	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TOR2A	0	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LRFN1	0	0	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLNS1A	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DDIT3	0	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>APOH</i>	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LOC100506428</i>	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PPP3CB</i>	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S100A11P1</i>	0.153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PTX3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.152
<i>ESYT3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.152	0
<i>TMC7</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.152	0	0	0	0
<i>TMEM2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.152	0	0	0	0
<i>PCCA</i>	0	0	0	0	0	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SSTR1</i>	0	0	0	0	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GGA3</i>	0	0	0	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HMGCR</i>	0	0	0	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SNX16</i>	0	0	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ANKRD2</i>	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ATOX1</i>	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BIRC3</i>	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>DBX1</i>	0	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CTNND2</i>	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>DDX50</i>	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HDLCQ1</i>	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LRP5</i>	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MIC7</i>	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TM9SF4</i>	0.152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CABLES2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151
<i>PRKAG3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151
<i>RAB25</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151	0
<i>ALDH7A1P3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0
<i>MRGPRX4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0
<i>HTRA1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0
<i>LRAT</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0
<i>MIR103A2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0
<i>PRSS1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0
<i>CAPZA1P</i>	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>IQSEC3</i>	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KCNJ16</i>	0	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CMTM2</i>	0	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FBXO40</i>	0	0	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C1ORF187</i>	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C20ORF54</i>	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C3AR1</i>	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C6ORF10</i>	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

CALCB	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CELSR3	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLDN5	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CUTC	0	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AKR7L	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRAT1	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GPRIN3	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MTHFD1	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PARVG	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
VNIR3	0.151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PKD2L2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.15
SLC16A1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.15
GLUD1P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.15	0
ODF3B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.15	0
DYNC1L12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0
OPN3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0
NDUFAF1	0	0	0	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PCCB	0	0	0	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ST7-OT4	0	0	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MEPCE	0	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TTY5	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TXLNB	0	0	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADAM8	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CASP9	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CRLF1	0	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF432	0.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.149
CYP2D8P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.149
TAF5L	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.149	0
LHFPL2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0
OTOP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0
BTAF1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0	0
CERKL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0	0
ACADM	0	0	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ST7-OT3	0	0	0	0	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LRRN1	0	0	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AIS1	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AOX1	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BTNL2	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C5AR1	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CDH6	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

DDIT4	0	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CACYBP	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CTF2P	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DIAPH1	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OR7D4	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PAR4	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TAPVR1	0.149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD55	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148
GAGE7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148	0
TRPV1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0
MAP3K13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0
TACR3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0
TRNAK1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0
CRSA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0	0
GLB1L3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0	0
SLC25A13	0	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNIP2	0	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CCL3L3	0	0	0	0	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADAD1	0	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADCYAP1R1	0	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AIS3	0	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C6ORF27	0	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LIPC	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZCWPW2	0.148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLIC6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147
F13B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0
GGTLC5P	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0
MRPS25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0
CTAA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0
PTPRQ	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0
MED30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0
PSMB1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0
USP17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0
NYX	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0	0
ABCD1P2	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ABCD1P3	0	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AP3D1	0	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CCL5	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MMP1	0	0	0	0	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADAM15	0	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COIL	0	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>DLK2</i>	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ESRRAP2</i>	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NR1D1</i>	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NR1H5P</i>	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NUFIP1</i>	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S100A6</i>	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TMEM198</i>	0.147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ALDH7A1P1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0
<i>SEMA4G</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0
<i>BRF1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0
<i>ARCC1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0
<i>NCAM1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0
<i>DGUOK</i>	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NDUFA11</i>	0	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TBC1D7</i>	0	0	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>USP6</i>	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ZNF189</i>	0	0	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ALCAM</i>	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ANKRD1</i>	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ANKRD46</i>	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BIRC2</i>	0	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BW33</i>	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CAPS</i>	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ISX</i>	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SUFU</i>	0.146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CACNA1S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.145
<i>CATSPER4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.145
<i>MITF</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.145	0
<i>TRBV5-4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.145	0
<i>MRPL24</i>	0	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PDP1</i>	0	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CNTN6</i>	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FGF12</i>	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KCNK7</i>	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SLC8A1</i>	0	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CYP2G1P</i>	0	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MTMR3</i>	0	0	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CIITA</i>	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CX3CL1</i>	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>DIRC1</i>	0	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ANXA8L2</i>	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

COPD24	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CUBN	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KC6	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SAA4	0.145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGFL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.144	0
NSDHL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.144	0	0	0
AP2A1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.144	0	0	0	0	0
SIN3B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.144	0	0	0	0	0
ZNF644	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.144	0	0	0	0	0
ABCD1P4	0	0	0	0	0	0	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADAM17	0	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADAM21	0	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AITD2	0	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SMNDC1	0	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C14ORF166	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA5G	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MORF4L2P1	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A10	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TSPAN6	0.144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYP2D7P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.143
ASS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.143	0
TRPM8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.143	0	0	0	0
EPS15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.143	0	0	0	0	0
GPR75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.143	0	0	0	0	0	0
SNRNP35	0	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPB	0	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AKT2	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APOC2	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FAM50B	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PUSL1	0.143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CASQ2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142
CATSPERG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142
SLC2A3P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142
TMEM146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142
ANO6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0
CEACAM16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0
TMEM127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0
CASP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0	0
SH3GLB1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0	0
PPEF1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0	0	0
SATB2	0	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

HDFFRP2	0	0	0	0	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SH3D21	0	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SHROOM3	0	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLIT1	0	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLIT3	0	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPB2	0	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APOC3	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DCDC5	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DYRK3	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FAM82B	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOC100289473	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PLTP	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRKXP1	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
THAP5	0.142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TBC1D4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141
LTBP4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0
PUS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0
SEC23B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0
STOML3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0
NFYA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0
ARL6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0
ARR3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0
CABP5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0
COL9A1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0
GRAMD1A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0
CPT2	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MRPS28	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDP2	0	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LHX6	0	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ESR1	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDCD7	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SOAT1	0	0	0	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SKOR2	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC38A5	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPC	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPD1	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SOX14	0	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AASTH42	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CCND3	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA18C	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HMG2P3	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

NUBP2	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OFC4	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRUNE	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RAC1P5	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A4	0.141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ENG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14
ACTG1P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14	0
DOCK8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0
TRPA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0
FBXL5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0
TMEM107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0
RBM14- RBM4	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0
ETFB	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NDUFB2	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UGT1A1	0	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HAX1	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNJ5	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNK1	0	0	0	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ABR	0	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPG	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SOX3	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
STMN1	0	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ECEL1P2	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRAFD1	0.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RSPH10B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139
RPL27A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0
SMPD2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0
SPHK1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0
SPNS2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0
GLA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0
CFL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0
NPM1P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0
TACR2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0
NPLOC4	0	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0
CSTP1	0	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0
ATAD3A	0	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DCDC1	0	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EIF5AP2	0	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GJA4	0	0	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PTCPRN	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RALGAPB	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RAP1A	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCG3	0	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C1R	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GYG2	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRIB1	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF668	0.139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGKV3OR22-2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0
QRS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0
SERP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0
SLC11A2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0
VPS11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0
WIP12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0
ANO3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0	0	0	0
CHM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0	0	0	0	0
RRH	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.138	0	0	0	0	0
EZR	0	0	0	0	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNJ12	0	0	0	0	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC6A15	0	0	0	0	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PLEKHG5	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R15A	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRG4	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPP38	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCAF4	0	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATP5B	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BPIFA3	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IRS3P	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KRTAP12-2	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LRRFIP2	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PARVA	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A5	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A7P1	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SIK3	0.138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYP2D7BP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137
ASB11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0
RAB3IL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0
TLCD2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0
TRAP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0
UGCG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0
USP30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0
TRNM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0
RNF4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0

PDE6D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0
SRSF6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0
ZNF597	0	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0
ABCD1P1	0	0	0	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0
NUCB1	0	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FBXW10	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SUN1	0	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF723	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF726	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF878	0	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RGMA	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RHEBL1	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ROBO3	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPL13AP17	0	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA1B	0.137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CASKIN2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136
CUL9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136
SLC25A39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136
HYD2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0
PRSS56	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0
SDHB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0
TRPV2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0
PDXP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0
TAC4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0
COQ9	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NDUFA8	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC25A20	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC25A29	0	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DLX6	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ERC2	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FLNA	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNJ8	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNS2	0	0	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SAR1B	0	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RASL10A	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF280D	0	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XIAP	0	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ASF1A	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATP5EP1	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CTNNBIP1	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LPAL2	0.136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

PCDHA1	0	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R9A	0	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TBX4	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TIMP1	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TNFSF12-TNFSF13	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRBV20-1	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRPM2	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UNCX	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UOX	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UQCC	0	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRAT2	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOC100287306	0.134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PTCD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0
GFRA2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0
EIF2S1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0
MEOX2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0
AQP1	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GFM1	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GLUD1P5	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PEX13	0	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNK17	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NPY5R	0	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C9ORF156	0	0	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIR586	0	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EFNB2	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PITX1	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRIM15	0	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IFNR	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MAPK1IP1L	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP3R1	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCARB1	0.133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATP11B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132
ASS1P3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0
SRM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0
AEN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0
AGBL5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0
AIFM3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0
ATM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0
ATRN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0
BECN1P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0

<i>BNIP3L</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0
<i>PRDX3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0
<i>IDS</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0
<i>DPF1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0
<i>MYO1H</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0
<i>MYP2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0
<i>OTOA</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0
<i>GTF2B</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0
<i>HIST3H3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0
<i>MAP3K9</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0
<i>OGG1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0
<i>ZBED4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0
<i>KHSRP</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0	0
<i>FASTKD2</i>	0	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SEC11A</i>	0	0	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LINC00272</i>	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SOX11</i>	0	0	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GTF2H2</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HCG4</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HDAC11</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HNRNPH3</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HOXC10</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>IFI30</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>IFNAR1</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PCDH8</i>	0	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C12ORF33</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CYP2T3P</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FAM55B</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FBXL3</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FBXW7</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FCHO1</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FOLR4</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GYS2</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HSP90AB3P</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NDUFB10</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S100A7L2</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TAPT1</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TRIL</i>	0.132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>AASTH17</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131
<i>ZNF692</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131
<i>ACP2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131	0	0

AMIGO2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ASAH1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C11ORF31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C1QA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C9ORF114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD68	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CERS6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CTSA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CATSPER2P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0
PIRT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0
HDAC7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0	0
NLRP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0	0
C1QTNF5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0
HMX1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0
ICAM1	0	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SBF1	0	0	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ELAVL1	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FBXO32	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FLI1	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GSTA4	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HEATR7B2	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HFE	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IFNAR2	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IFNB1	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGFALS	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IGFBP2	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IL21	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ISL2	0	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIR5095	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R2P3	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPL3P1	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMEM132A	0.131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NEDE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0
UROD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0
CLTC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0
EPN2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0
PHGR1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0
TLL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0
GRK1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0
MFRP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0
RP1L1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0

KCNA3	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LRRC4B	0	0	0	0	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EFNB3	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EPO	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ETS2	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FAM167A	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FUT4	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GEMIN6	0	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATIC	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HMGCLL1	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ILK	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ITGB1BP3	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OFC3	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R3G	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RAC1P3	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A7A	0.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PGAP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129
SLC16A5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129
PPWD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0
CTSF	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
CYBB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
LAPTM5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
LRPPRC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
MGRN1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
MTRF1L	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
NDUFB8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
NEU4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
OMA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
PIK3C3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
PLA2G3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
PLG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0
DGKB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0
NEIL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0
IMPG2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0
RGS7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0
TUG1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0
TRANK1	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TREX1	0	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ABCC8	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ARL6IP6	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RBFOX1	0	0	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>ELMOD3</i>	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SYNE2</i>	0	0	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GDI2P1</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ISLR2</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KIAA1598</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MYO9B</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NCALD</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NKX6-2</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NPHS1</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NRCLP</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ODZ1</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>OLIG1</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>OLIG3</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>OR12D3</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>OSTF1</i>	0	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>AFM</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ARHGAP35</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CALR</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CHAF1B</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CLASP2</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ENO1P1</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FRA19A</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HEBP2</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MARCH1</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S100A7P2</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SQRDL</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ZNF366</i>	0.129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>AQP7P3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128
<i>CHST9</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128
<i>CILD4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128
<i>FKBP11</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0
<i>DNAJB9</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0
<i>DRAM2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0
<i>EARS2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0
<i>EDEM1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0
<i>EFHD1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0
<i>IGF2R</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0
<i>COQ6</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0
<i>GIPC3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0
<i>CEBPA</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0
<i>DCTN6</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0

MIR1470	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0
ANKH	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0	0
BFAR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0	0
RDH5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0	0
RGR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0	0
RPE65	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.128	0	0	0	0	0	0
LIFR	0	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LINC00162	0	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LINC00163	0	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LINC00165	0	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LMO4	0	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MT1P3	0	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CABYR	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CRB3	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CSDAP1	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DPYSL3	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FER1L5	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FSCB	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GCLC	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GUCA1C	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MSK9	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100Z	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZXDA	0.128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AHNAK2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127
PPATP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127
DNAJA4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0
DNAJB12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0
FASTKD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0
GNPTG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0
GUSB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0
KIRREL3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0	0	0
EDF1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0	0	0	0
CABP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0	0	0	0	0
TMEM66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0	0	0	0	0
TSFM	0	0	0	0	0	0	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KIRREL	0	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LHX5	0	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOC100288318	0	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MDGA2	0	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MET	0	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ESRRAP1	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

MIR510	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NTT	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A12	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
VN1R4	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF132	0.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C1QTNF7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126
C6ORF221	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126
CAT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126
NPPA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126
FASTKD3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
FASTKD5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
FTMT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
GATC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
GLB1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
GM2A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
GPR63	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
HSCB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
HSPA6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0
HOGA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0
NIPAL2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0
TPRN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0
TACR1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0	0
GRK7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0	0
HMCN1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0	0
MIAT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0	0
RS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.126	0	0	0	0	0
ZMPSTE24	0	0	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOH1CR1	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOX	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LSM10	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LSM11	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MAP1A	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MBP	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MEOX1	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MSTN	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MT1E	0	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DEPTOR	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA2G	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GSR	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GTPBP1	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GYG1	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

PLSCR4	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
POM121C	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPFIBP1	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRR5L	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SPAG5	0.126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYCS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0
JKAMP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0
NAT8L	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0
NEU1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0
POGK	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0
MSRB3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0
OR51B4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0
P2RX3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0
TECTB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0
TRNR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0
CEND1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0
LDHC	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KIF3A	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MT4	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NR1H2	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NSF	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PAX1	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ABCG8	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CA11	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DYRK1B	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GSTM5P1	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LIPI	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC2A3P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124
FNTAP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0
GLUD1P3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0
PKDCC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0
CERS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0
LAMP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0
LONP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0
MTRF1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0
FAM188B2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0
TMC4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0
CTBP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0
DAGLB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0
ACAD9	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MRPL22	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>MRPL38</i>	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NDUFS6</i>	0	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CHRNA1</i>	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CUX2</i>	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>L1RE4</i>	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SSTR4</i>	0	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ND2</i>	0	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CNTNAP4</i>	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SRBD1</i>	0	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C11ORF96</i>	0	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ABLIM1</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CD226</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FMO1</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GALR2</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>IGFBP3</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MTF1</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MYT1L</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NOTO</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SNRPD3</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TBCD</i>	0	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ALDH1L1</i>	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FAM60A</i>	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LPL</i>	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>RP56KA3</i>	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SENP2</i>	0.124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CYP1A2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123
<i>ACO1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0
<i>LPPR1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0
<i>MAP6D1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0
<i>MTIF3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0
<i>DFNB51</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0
<i>MYH14</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0
<i>TMC6</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0
<i>TRAPPC2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0
<i>CLTB</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0
<i>TAF2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0
<i>TAF7</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0
<i>FOSB</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0
<i>PROX2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0
<i>AUH</i>	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>COX4I2</i>	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>PEX6</i>	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PHKA2</i>	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>POLG2</i>	0	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KCNK18</i>	0	0	0	0	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BANK1</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C10ORF27</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CRYAB</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FBL</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FOLH1B</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GEMIN5</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GEMIN8</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GPR161</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GRIPAP1</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MZB1</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NKX6-1</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NODAL</i>	0	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ALAS1</i>	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BTRC</i>	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>EIF2B3</i>	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LDLRAP1</i>	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MTHFD2</i>	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NCOA2</i>	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ZNF280B</i>	0.123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ADRB1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122
<i>BRD7P3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122
<i>PIGG</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122
<i>ASIP</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0
<i>CLPP</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0
<i>COX2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0
<i>COX6C</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0
<i>C6ORF120</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0
<i>PIK3R4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0
<i>BEST1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0
<i>CDK1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0
<i>CMM4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0
<i>DEFT1P2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0
<i>FMNL1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0
<i>HNRNPA2B1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0
<i>KHDRBS3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0
<i>MAP2K1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0
<i>PRMT8</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0

DPYS	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ETHE1	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FARS2	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA1E	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GK	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GLYCK	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MBD6	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MOCS2	0	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CHP2	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FXDY7	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMEM163	0	0	0	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KIF17	0	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HGF	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IL21R	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IL6R	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ISL1	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TNFSF13B	0	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ABCG5	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DHFR	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DVL2	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FAM153B	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIR320A	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TCN2	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF131	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF26	0.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CXADR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121
IFT80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0
OR10J5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0
NPM1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0
TAF5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0
NGLY1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0
ATPAF2	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BCKDHA	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MRPL52	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RNASEH2A	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RRIS	0	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZDHHC3	0	0	0	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DLGAP3	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IFITM8P	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
INTS4	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KIAA0513	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

NF1	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NXF2	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R9B	0	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TBX6	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMEM39A	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMOD4	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TNFSF12	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRMT1L	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UBE2H	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
VANGL2	0	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLEC4D	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DYRK4	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ECEL1P3	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA11B	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GPRIN2	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NFATC1	0.121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PALM2-AKAP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12
ANO8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12	0	0	0	0
KRT9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12	0	0	0	0
MTO1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12	0	0	0	0
GRM6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12	0	0	0	0	0	0
PDE6A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.12	0	0	0	0	0	0
ABCG2	0	0	0	0	0	0	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATP1B3P1	0	0	0	0	0	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP3CC	0	0	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
VAPA	0	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AKAP11	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C21ORF33	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LOC100271918	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
QPCTL	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RFC1	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
YBX1P10	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APLN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119
PGS1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119
TNNT3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119
CDSN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0
RILPL2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0
SLC25A14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0
ST8SIA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0
STX8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0

TMED4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0
VPS35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0
LMBRD1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0
FOXI3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0
IFT27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0
NDUFB9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0
SDHD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0
TMC3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0
BAIAP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0	0
MIR30A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0	0
OPN1MW2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0
VCP1P1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0
TRNAP1	0	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNH8	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNJ3	0	0	0	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CAMKK2	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CDC42SE2	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TDO2	0	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
POP7	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PSMB9	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RAPGEF6	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
REXO4	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RHEB	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RRAD	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SEMA4D	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPD2	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPE	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNRPF	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TBX18	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TBX20	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF433	0	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ANGPTL3	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CIB3	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CKAP5	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CTPS	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA XB	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NR1D2	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PAQR9	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RAD54B	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRIM29	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF140	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ZNF808	0.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CST9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118
SRL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118
VN1R7P	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0
EIF2C2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0
FAAH2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0
GNG7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0
AIP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0	0
CNGB3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0	0
RP23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0	0
SERPINF1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0	0
SOX9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.118	0	0	0	0	0	0
CSF2	0	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SEMA6A	0	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ANKRA2	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APOA4	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GPR27	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GSS	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RAP1GAP	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S7	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SPICE1	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SPON2	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SSPO	0.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C19ORF43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0
SEMA4B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0
C7ORF30	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COX18	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COX6B1	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HADH	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MRPS16	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NAGS	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDHB	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PSPH	0	0	0	0	0	0	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AXIN1	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BOLA2B	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EIF2AK4	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ITGA10	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NACA	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PCBP2P2	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XCE	0.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EFR3A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0

<i>FAM151A</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0
<i>LHFPL1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0
<i>ABCA4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0
<i>CABP4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0
<i>ARSE</i>	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>COX7B</i>	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MRPL21</i>	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MRPL55</i>	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PTCD2</i>	0	0	0	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>X5</i>	0	0	0	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>APC2</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BW32</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C14ORF129</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CDR1</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CEP192</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CHE2</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CSNK1A1</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>DIAPH3</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FRA6F</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GRHL3</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>INSM2</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TNFSF18</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ZNF460</i>	0.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ADAMTSL4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0
<i>CDAN1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0
<i>IFT122</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0
<i>LHFP</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0
<i>OTOP3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0
<i>NEIL3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0
<i>PGK1P1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0
<i>ELOVL4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0
<i>IMPDH1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0
<i>KIAA0556</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0
<i>ACADS</i>	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SUCLA2</i>	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SUOX</i>	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>UQCRC2</i>	0	0	0	0	0	0	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ANXA6</i>	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>EPF5</i>	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MIR302C</i>	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MX2</i>	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

PMVK	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPS29	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF205	0.115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RMRP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0
ALDH7A1P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0
HSCRM2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0
LRR4C4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0
STOM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0
FAM53B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0
FGF9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0
GNAT1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0
PITPNM2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0
BCKDHB	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PEX2	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UPB1	0	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NALCN	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TTC37	0	0	0	0	0	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ACAT2	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APPL2	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C16ORF7	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CAPZA1	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD47	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EIF2B1	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EIF2S2	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GSTP1P1	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PLA1A	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PMS2LP2	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R2	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TTIM1	0.114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADRB3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.113
TAF9P3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.113
CATCN1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0
OR8A1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0
VUR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0
MIR1251	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0
NRL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0
GOT1	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0
METTL17	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MGC1	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UQCR11	0	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UNC80	0	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>CST8</i>	0	0	0	0	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>AIF1L</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>APOC4</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>EPF8</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FRA16D</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PPP2R5D</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>RADIL</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>RANBP9</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>RICTOR</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SLC31A1P1</i>	0.113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CD46</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112
<i>SHROOM4</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112
<i>ACCN3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0	0
<i>GFRA3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0	0
<i>HAUS3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0	0	0
<i>MAP3K11</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0	0	0
<i>UNGP1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0	0	0
<i>ZNF513</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.112	0	0	0	0	0	0
<i>ANAPC16</i>	0.112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ATP5E</i>	0.112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CTH</i>	0.112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ECEL1P1</i>	0.112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>MCU</i>	0.112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S100A2</i>	0.112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>C8A</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111
<i>CCDC149</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0
<i>SPATA18</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0
<i>PCNXL2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0
<i>SLC26A5</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0
<i>GUCA1A</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>GUCY2F</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>RBP3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>RGS9BP</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>ROM1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>WDR17</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>MIR1307</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>MIR2110</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0
<i>EXOSC1</i>	0	0	0	0	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FXR1</i>	0	0	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FAM47A</i>	0	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GAR1</i>	0	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>RALGAP2</i>	0	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TIAM1</i>	0	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BP33</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BP9</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>BPIFB6</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CD151</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>EML2</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FRA1M</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HN1</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HPE1</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PFKL</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>RPAIN</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SCAR2</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SCGB1D4</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ZNF101</i>	0.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>DNAJB11</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0
<i>M6PR</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0
<i>PLAT</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0
<i>SLC25A27</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0
<i>MMEDF</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0
<i>LHFPL3</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0
<i>LHFPL5</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0
<i>ND4L</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0
<i>PIEZO2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0
<i>TMIE</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0
<i>TAF13</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0	0
<i>UBE2E1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0	0
<i>NUP62</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0
<i>POLR2A</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0
<i>AMMECR1</i>	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>UGT2B7</i>	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>UQCRB</i>	0	0	0	0	0	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ADAMTS14</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>CD200</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GALR3</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GCLM</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LGALS3</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NGRN</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>OR2H1</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PSORS1C1</i>	0	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>AURKAPS1</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>MXRA8</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PRKD3</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>PUS3</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>RPS9P1</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SORCS2</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>STBD1</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TRIM59</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ZCHC8</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ZNHIT3</i>	0.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ATRNL1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0
<i>CERS2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0
<i>COX17P1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0
<i>DNAJA2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0
<i>DNAJB1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0
<i>MANBA</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0
<i>PNPLA7</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0
<i>ANKMY2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0
<i>PPOX</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0
<i>TRIOBP</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0
<i>PDC</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0
<i>C17ORF42</i>	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>DLAT</i>	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>UGT1A4</i>	0	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>ABCC1</i>	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KCNK4</i>	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KCNK5</i>	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KCNS3</i>	0	0	0	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>DSCAM</i>	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LRRC37B</i>	0	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>FAM69A</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GEMIN7</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>GRIP1</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>HT</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>IGFBP4</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>IL26</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>KIF3B</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>LBX1</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NKX1-2</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>P2RX4</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>THM</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>TNFSF14</i>	0	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

BPIFB2	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BPIFB5P	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BPIFC	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C17ORF89	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLF	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA16A	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FTH1P15	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GNAI2P1	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MAGED4	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PGM5P1	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PHKBP1	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPIEL	0.109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B3GALT6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108
SGPL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0
VPS16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0
WDR45L	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0
GPR171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0
HMX2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0
LHFPL4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0
SLC12A2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0
COX16	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COX19	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDHA1	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RNASEH2C	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPP30	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RRM2B	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCO1	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TAZ	0	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLCN4	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DLX2	0	0	0	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPS27P3	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TCERG1L	0	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADCYAP1	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLEC16A	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CSF3	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DYNC2LI1	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP4R2	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RPS6	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RUFY3	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SNUPN	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
YWHAH	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ZBTB43	0	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ADCK1	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APOBR	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD93	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLNS1AP1	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYP2T2P	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DEF6	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HMGCL	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A9	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TC2N	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNF451	0.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TTC1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.107	0
PSORS3	0	0	0	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0
SRSF4	0	0	0	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0
FOXRED1	0	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NDUFA9	0	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PC	0	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PET112	0	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC25A6	0	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FBXO33	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KCNG1	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SSTR2	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SSTR3	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ST7-AS1	0	0	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NARF	0	0	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C9ORF174	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD163	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLCF1	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CMM	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CNN3	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DLL1	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DNAH1	0	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BATF3	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BHMT	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BPIFB4	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C10ORF88	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C18ORF1	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CLASP1	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CSRN1	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CY5R1	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DEAF1	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

FBXL14	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FMNL2	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
INMT	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NCOA5	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OB10Q	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PAQR6	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PPP1R3E	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SH3BGR	0.107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ALG10B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106
ILDRI	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0
MGRPPE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0
UROS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0
PDAP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0
CFH	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0
CYMD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0
POMC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0
AMT	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BCKDK	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C7	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GLUD2	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OXCT1	0	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0
KIAA1468	0	0	0	0	0	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A2ML1	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ACRPS	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CENPO	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CHDS1	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CSNK1E	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYB561D2	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FAM82A1	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRDM6	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZBTB12	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZNFX1	0.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ANO9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.105
NTRK3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0
RIPK2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0	0
TRMEP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0	0
PALM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0	0	0
HCCS	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OGDHL	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UQCR10	0	0	0	0	0	0	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ALAD	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

BW16	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BW17	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C12ORF52	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYP7A1	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DAB2	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DCAF7	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EIF4A1P1	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FRA1H	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDPK1	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRDM4	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RAC1P2	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100P	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC5A3	0.105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104
SLC2A10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104
C17ORF28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0
HFE2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0
PHOX2B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0
WDR35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0
ZNF791	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0
NR2E3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0
TRIM4	0	0	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0
MRPL34	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MRPS22	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PDHX	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UGT1A5	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UQCRC1	0	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PORCN	0	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LYZ	0	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMEM47	0	0	0	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AIDA	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AXIN2	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CHDS4	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DMRTC1	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NCOA3	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PGM2L1	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMOD2	0.104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRDN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103
CPOX	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0
KTCN2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0
PFN2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0

PPP3CA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0
TRNAP2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0
CAPN3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0	0
CLUL1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0	0
FGFR3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0	0
NDUFV2	0	0	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CD4	0	0	0	0	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ANXA9	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APOA2	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CSNK1G3	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HLA-DPA2	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HSPA14	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MIR1273G	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NFATC3	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PARVB	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RWDD3	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A13	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S100A3	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SETD4	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SLC19A1	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TFAP2E	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
YBX1P1	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZC3H12A	0.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AQP7P2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102
STK11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102
SBDS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0
DFNA5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
FADS6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
FECH	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
KIF12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
KRT74	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
LIPH	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
MYO1F	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0
EPRS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0
RLBP1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0
UNC119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0
ZCRB1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0	0
ACADVL	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATPIF1	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CRLS1	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CYTB	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0

DBT	0	0	0	0	0	0	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A2MP1	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
APOO	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATPSL2	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATPAF1	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AURKAIP1	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COPD26	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DOCK6	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EOS	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NKD1	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PYGL	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RAC1P4	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RASD1	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
THBS4	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TUBGCP5	0.102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ANKS4B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0	0
CTPP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0	0
DFNB26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0	0
HPC5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0	0
KRTAP5-1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0	0
PHOX2A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0	0
HHC3	0	0	0	0	0	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ARHGAP31	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATHS	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C8ORF44-SGK3	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C8ORF73	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CAPZA2	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CARNS1	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
COPD25	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
NFATC4	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PIAS1	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RIBC1	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RORA	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SBN02	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TMEM185B	0.101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ACCN1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	0	0
IMPG1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0
IDSP1	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ZFP57	0	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ARAF3P	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ARHGDIG	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>FGF11</i>	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>NFU1</i>	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>SCARF2</i>	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0